

EMMANUEL ARNHOLD

**GANHOS GENÉTICOS DEVIDOS À SELEÇÃO ENTRE E
DENTRO DE FAMÍLIAS S₄ DE MILHO-PIPOCA, EM
PROGRAMA DE PRODUÇÃO DE LINHAGENS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de "*Magister Scientiae*".

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2004

EMMANUEL ARNHOLD

**GANHOS GENÉTICOS DEVIDOS À SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE
FAMÍLIAS S₄ DE MILHO-PIPOCA, EM PROGRAMA DE PRODUÇÃO DE
LINHAGENS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de "*Magister Scientiae*".

Aprovada: 13 de fevereiro de 2004.

Prof. Cosme Damião Cruz
(Conselheiro)

Prof. Adair José Regazzi
(Conselheiro)

Prof. Vicente Wagner Dias Casali

Prof. Antônio Teixeira do Amaral
Júnior

Prof. José Marcelo Soriano Viana
(Orientador)

Solte-se !

Liberte-se !

Voe !

E tudo que o universo produz
de belo e grandioso
será alimento para o seu coração,
inspiração para a sua mente
e luz para os seus olhos.

T. Pastorino

Aos meus pais Armando e Marineusa.
À minha esposa Denilma.

AGRADECIMENTO

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade oferecida para a realização deste trabalho.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, pelo suporte financeiro concedido.

Ao Professor José Marcelo Soriano Viana, pela sua orientação, imprescindível na realização deste trabalho, e por todo o apoio e ensinamento que me passou durante tantos anos.

Aos Professores Cosme Damião Cruz, Adair José Regazzi, Vicente Wagner Dias Casali e Antônio Teixeira do Amaral Júnior, pelas importantes sugestões, pelas críticas e pelos ensinamentos.

Aos funcionários do Campo da Genética: Vicente, Antônio e Márcio, pelos ensinamentos práticos e pela agradável convivência.

Aos amigos; Aurinelza, Aloísio, Héder, Mauro, Pedro Ivo, Adilson, Odilon, Willian, João, Fabrício, Silvestre, Danilo e Vinícius, por toda clarividência da cordialidade e amizade.

A todos os colegas do programa de pós-graduação, pela agradável convivência e pelo companheirismo.

Aos funcionários da secretária do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento, Rita e Conceição, pela atenção e pelo apoio.

A todos os professores do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento, em especial aqueles que contribuíram de alguma forma em minha formação acadêmica e que contribuem para a qualidade do programa.

À minha esposa, por toda amizade, pelo companheirismo e pelo apoio.

Aos meus irmãos Alexandre e Vanessa e ao Tio Cóco, por tantos anos de convivência feliz.

Aos meus pais, Armando e Marineusa, pelo grande apoio e pelo incentivo na busca de conhecimento e sabedoria.

A todos que contribuíram e contribuem para o desenvolvimento da ciência e do conhecimento humano.

BIOGRAFIA

EMMANUEL ARNHOLD, filho de Armando Arnhold e Marineusa Arnhold, nasceu em 24 de novembro de 1978, na cidade de Pérola do Oeste, Paraná.

Morou até os quatro anos nesta cidade, quando se mudou para Pitanga, situada no mesmo estado, onde estudou até a oitava série do primário no Colégio Dom Pedro I. O segundo grau foi cursado em internato (Instituto Adventista Paranaense, IAP) situado em Maringá, Paraná.

Em março de 1996, iniciou o Curso de Engenharia Química na Universidade Estadual de Maringá (UEM), tendo desistido no mesmo ano por não ter se identificado com o curso.

Em março de 1997, iniciou o Curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa, concluindo-o em maio de 2002.

Em maio de 2002, iniciou o programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento, em nível de mestrado, na Universidade Federal de Viçosa.

ÍNDICE

RESUMO	x
ABSTRACT	xiii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Melhoramento do milho-pipoca	4
2.1.1. Qualidade	4
2.1.2. Produtividade	8
2.1.3. Resistência à doenças	10
2.1.4. Resistência ao acamamento e quebramento	13
2.1.5. Métodos de melhoramento	14
3. MATERIAL E MÉTODOS	19
3.1. Material	19
3.2. Métodos	22

3.2.1. Descrição do experimento	22
3.2.2. Caracteres mensurados e metodologia aplicada na obtenção dos dados	23
3.2.3. Correção dos dados	24
3.2.4. Análises de variância	28
3.2.5. Estimação de parâmetros genéticos	29
3.2.5.1. Variâncias genotípicas entre e dentro de famílias	29
3.2.5.2. Herdabilidades	29
3.2.5.3. Correlações genotípicas	30
3.2.6. Estratégias de seleção	31
3.2.7. Ganhos genéticos preditos	32
3.2.8. Ganhos genéticos realizados	32
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	34
4.1. Correção dos dados por regressão	34
4.2. Análises de variância	36
4.2.1. Análises de variâncias assumindo delineamento inteiramente casualizado	36
4.2.2. Análises de variância assumindo delineamento em blocos incompletos	39
4.3. Estimativas de parâmetros genéticos	42
4.3.1. Variâncias genotípicas entre famílias e herdabilidades ao nível de família, assumindo delineamento inteiramente casualizado	42
4.3.2. Variâncias genotípicas entre famílias e herdabilidades ao nível de família, assumindo delineamento em blocos incompletos	43
4.3.3. Correlações genotípicas assumindo delineamento inteiramente casualizado	45
4.3.4. Correlações genotípicas assumindo delineamento em blocos incompletos	47
4.3.5. Variâncias genotípicas, herdabilidades e correlações, usando os dados de plantas autofecundadas	49

4.4. Seleção e ganhos genéticos preditos	50
4.4.1. Seleção entre	50
4.4.2. Seleção dentro	56
4.4.3. Ganhos totais	61
4.5. Ganhos genéticos realizados	62
5. RESUMO E CONCLUSÕES	70
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	74

RESUMO

ARNHOLD, Emmanuel, M.S., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2004. **Ganhos Genéticos Devido à Seleção Entre e Dentro de Famílias S₄ de Milho-Pipoca, em Programa de Produção de Linhagens.** Orientador: José Marcelo Soriano Viana. Conselheiros: Cosme Damião Cruz e Adair José Regazzi.

Os objetivos deste trabalho foram investigar a eficiência da seleção dentro, promover melhoramento intrapopulacional, com seleção de 35 famílias S₄, em capacidade de expansão (CE) e produção, e obter 70 famílias S₅ superiores, com seleção dentro de 70 e 35 famílias S₄, selecionadas para as mesmas características, sendo que a seleção em CE foi priorizada. Neste trabalho foram avaliadas 106 famílias S₄ da população Beija-Flor, em experimento sem repetição, com duas testemunhas intercaladas a cada dez famílias. Assumindo delineamento inteiramente casualizado, fez-se o ajuste de modelo de regressão múltipla, para correção dos efeitos ambientais. Como a determinação do modelo completo foi, em geral baixa, optou-se por utilizar os dados sem correção. Assumiu-se, também, delineamento em blocos incompletos, que considera controle local. Encontrou-se variabilidade genética entre as famílias para produção e CE, quando assumido delineamento

inteiramente casualizado e delineamento em blocos incompletos. As correlações genotípicas entre produção e CE, em ambos os casos, foram satisfatórias, 0,36 e 0,42, respectivamente. As herdabilidades entre famílias foram mais elevadas que dentro das famílias, para produção e CE. Os valores podem ser considerados médios para produção e altos para CE. A correlação genotípica encontrada dentro das famílias para CE e produção foi de 0,33. A variância genotípica entre famílias foi inferior à encontrada dentro de famílias. Para o cálculo dos ganhos entre, utilizou-se as médias e parâmetros genéticos obtidos quando assumido delineamento em blocos incompletos. Foram utilizadas três estratégias de seleção: seleção direta em CE, seleção direta em produção e uso do índice de Mulamba e Mock, com peso 3 para CE e 1 para produção. A estratégia que proporcionou maiores ganhos preditos foi seleção direta em CE, de 35 famílias, com seleção de 70 plantas dentro destas com uso do índice. Obteve-se com esta estratégia ganhos preditos totais de 271,2 kg/ha para produção e 7,2 mL/g para CE. Com estes ganhos, espera-se uma elevação de 2474,4 para 2745,6 kg/ha e de 28,6 para 35,8 mL/g, ou seja, qualidade de milho-pipoca muito superior à das testemunhas, que são híbridos comerciais. Quando avaliada a eficiência da seleção dentro, verificou-se que, para a melhor estratégia em promover os ganhos desejáveis, a contribuição do ganho dentro foi de 39,1% para produção e 33,3% para CE, demonstrando a importância da seleção dentro. Quando analisadas as demais estratégias de seleção, também se verificou uma elevada importância dos ganhos dentro. No caso de seleção de 70 famílias, os ganhos dentro foram responsáveis por mais de 50% dos ganhos totais para CE e produção. A elevada importância dos ganhos dentro pode ser atribuída à elevada variação genotípica dentro, que pode ter sido superestimada devido a desvios ambientais e/ou devido a população estar sobre seleção. Analisando os ganhos realizados, observou-se ganhos em produtividade e qualidade. Para CE os ganhos foram inferiores aos preditos. Os critérios que proporcionaram maiores ganhos realizados em CE foram seleção de 70 famílias S₄ com base em CE e seleção de 70 plantas dentro destas, também com base em CE, com ganho realizado de 1,34 mL/g. A

seleção dentro, neste caso, foi responsável por 89,5% do ganho total obtido com seleção entre e dentro. Portanto, para uma maior eficiência seletiva com famílias S_4 , deve-se praticar seleção dentro, sendo que a importância desta é maior quando se diminui a intensidade de seleção entre.

ABSTRACT

ARNHOLD, Emmanuel, M.S., Universidade Federal de Viçosa, February of 2004. **Within S₄ Families Selection in a Popcorn (*Zea mays* L.) Inbred Lines Development Program.** Advisor: José Marcelo Soriano Viana. Committee members: Cosme Damião Cruz and Adair José Regazzi.

In this work 106 S₄ families from the Beija-Flor population were evaluated in experiment without replication, with two intercalated controls, at each ten families. The objectives were to investigate the efficiency of the within selection; to accomplish intrapopulacional breeding, with selection of 35 S₄ families, looking forward to expansion capacity (CE) and yield; and to obtain 70 superior S₅ families, with selection inside 70 and 35 S₄ families, which were selected for the same characteristics, being prioritized the selection for CE. Assuming completely randomized design, models were determined by multiple regression, for correction of the environmental effects. However, the determination of the models was in general low, therefore it was used the data without correction. It was also assumed, incomplete blocks design, which considers local control. Genetic variability was found among the families for production and CE, when either completely randomized design or incomplete blocks design was assumed.

The correlations between yield and CE, in both cases, were also satisfactory (0.36) and (0.42) respectively. The heritabilities among families were higher than inside them, for yield and for CE. The values can be considered medium for yield and high for CE. The correlation, for CE and yield, inside the families was 0.33. The genetic variance among families was of lower magnitude than inside them. To calculate the gains among families, it was used averages and genetic parameters obtained when assumed the incomplete blocks design, because this design considers local control and, therefore, it is more reliable. Three strategies were used, direct selection in CE, direct selection in yield, and index of Mulamba and Mock, with weights 3 for CE and 1 for yield. The strategy that provided larger predicted gains was direct selection on CE, of 35 families, with selection of 70 plants inside of them, using the index. It was obtained, with this strategy, total predicted gains of 271.2 kg/ha for yield and 7.2 mL/g for CE. With these gains, an elevation from 2474.4 to 2745.6 kg/ha is expected for yield and from 28.6 to 35.8 mL/g for CE, in other words, popcorn quality very superior to that found in the control hybrids, that are commercial hybrids. When evaluated the efficiency of the inside selection, it is verified that, for the best strategy in promoting the desirable gains, mentioned previously, the contribution of the inside gains was of 39.1% for yield and of 33.3% for CE, demonstrating the importance of the inside selection. When the other selection strategies were analyzed, a high importance of the inside gains was also verified. In the case of selection of 70 families, the inside gains were responsible for more than 50% of the total gains for CE and yield. The high importance of the inside gains may be due to the high inside genetic variation. Analyzing the accomplished gains for CE, gains was observed, however inferior to the predicted ones. The strategy that provided larger accomplished gains in CE was selection of 70 S₄ families in CE and selection of 70 plants in CE inside of these, with accomplished gains of 1.34 mL/g. The inside selection, in this case, was responsible for 89.5% of the gains. Though, for larger selection efficiency in S₄ families, inside selection should be practiced and, the importance of these is enhanced when the among selection intensity is diminished.

1. INTRODUÇÃO

O milho-pipoca pertence à espécie *Zea mays L*, sendo que, em relação ao milho comum, em geral, apresenta grãos menores, maior prolificidade, menor vigor e maior susceptibilidade à doenças. A característica de pipocamento é a principal diferença entre este e outros tipos de milho. Sua origem confunde-se com a dos outros tipos conhecidos de milho. É originário da América Central, onde há registros datados de 2500 a.C. (ZINSLY e MACHADO, 1987). Foi utilizado primeiramente pelos indígenas como fonte de alimento, com qualidade muito inferior a encontrada nas populações melhoradas e cultivadas atualmente.

A principal medida de qualidade do milho-pipoca é a capacidade de expansão (CE), relação entre volume de pipoca e peso ou volume de grãos. HOSENEY et al. (1983) comentam que o grão de pipoca estoura quando a temperatura atinge cerca de 177 °C. A água dentro do grão é superaquecida e sua vaporização determina o rompimento do pericarpo e a expansão. Diferentemente do milho comum, que é utilizado principalmente na alimentação animal, o milho-pipoca é utilizado exclusivamente na alimentação humana e, portanto, tem na qualidade um pré-requisito para ser comercializado. Uma

melhor qualidade pode ser adquirida elevando-se a CE em programas de melhoramento genético. Outras características, como produtividade, resistência ao acamamento, quebramento e doenças, tamanho, formato e cor dos grãos, também são relevantes.

Atualmente o milho-pipoca é um alimento difundido pelo mundo, sendo utilizado principalmente como fonte de energia e fibras. Apesar de ser um grande produtor de grãos, e o terceiro maior produtor mundial de milho comum, o Brasil ainda não é auto-suficiente na produção de milho-pipoca. No ano de 1998 o consumo foi de 80.000 t, das quais cerca de 61.000 t foram importadas (GALVÃO et. al, 2000). As importações são principalmente dos Estados Unidos (maior produtor e consumidor) e da Argentina. Empresas como Yoki e Hikari, incluindo produtores cooperados, que utilizam sementes de híbridos norte americanos, são as grandes responsáveis pela produção nacional. Atualmente vem ocorrendo a substituição de sementes importadas por híbridos nacionais e, também, a produção nacional já ultrapassa 50% da demanda por grãos, devido a oferta de híbridos produzidos pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) (www.Agromotiva.com.br).

Atualmente o milho-pipoca é consumido por todas as classes sociais, mas não faz parte dos alimentos da merenda escolar e da cesta básica, sendo que a sua inclusão dentro destes programas de assistência social, seria uma forma de aumentar o consumo. Se isso ocorresse, o milho-pipoca teria grande aumento na demanda, sem aumento da produtividade que poderia contribuir para o aumento das importações.

Segundo SAWASAKI (1996), o milho-pipoca não recebeu no Brasil a mesma atenção dada ao milho comum e a pequena quantidade de pesquisadores e instituições envolvidos com essa cultura não foi suficiente para dar contribuição substancial ao progresso de seu melhoramento. Como resultado, existe atualmente no país, uma pequena disponibilidade de híbridos e cultivares de polinização aberta, o que favorece as importações de sementes melhoradas e, também, deixam o produtor com menos opções, sendo que em última análise, dificulta plantios independentes, favorecendo a importação de

grãos. Segundo PACHECO et al. (1998), entre os problemas pelos quais passam os produtores de milho-pipoca está a dificuldade de obter sementes de boa qualidade, de cultivares que reúnam boas características agronômicas e culinárias.

Sendo que o milho-pipoca é um produto amplamente consumido no Brasil e que grande parte dos grãos consumidos e sementes utilizadas no plantio são importadas, é justificado o investimento de recursos públicos e privados no desenvolvimento de pesquisas que promoverão a expansão dessa cultura no país, principalmente na área de melhoramento genético. Os programas nacionais de melhoramento, do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), da Embrapa Milho e Sorgo (CNPMS), da Universidade Federal de Viçosa (UFV), entre outros, podem contribuir com pesquisas que venham reduzir as importações de sementes e grãos, fortalecendo a cadeia agroindustrial do milho-pipoca.

Os objetivos deste trabalho foram:

- analisar a eficiência da seleção dentro de famílias S_4 da população Beija-Flor;
- obter 70 famílias S_5 , da mesma população, superiores em capacidade de expansão e produção;
- promover o melhoramento da população Beija-Flor, com seleção de 35 famílias S_4 com base em capacidade de expansão e produção.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Melhoramento do milho-pipoca

2.1.1. Qualidade

É natural quando se pensa em melhoramento genético, objetivar o aumento de produtividade como uma prioridade. Porém, o milho-pipoca, diferentemente do milho comum, é destinado exclusivamente à alimentação humana na forma de pipoca e, portanto, deve-se pensar na qualidade como um fator altamente limitante de sua comercialização. Portanto, a qualidade também merece destaque no melhoramento deste tipo de milho. A principal medida de qualidade do milho-pipoca é a capacidade de expansão (NASCIMENTO e BOITEUX, 1994). Quanto maior for a capacidade de expansão, maior valor comercial terá a variedade, pois essa característica está associada com a

maciez da pipoca. Para ser comercializada, uma variedade deve ter CE acima de 18 mL/g. Abaixo desse índice, a pipoca apresenta-se muito rígida e com muitos piruás (ZINSLY e MACHADO, 1987).

Em termos de qualidade, procura-se principalmente obter populações ou híbridos com elevada capacidade de expansão. Em dois experimentos realizados em Coimbra, MG, GALVÃO et al. (2000) avaliaram híbridos simples modificados e triplos, todos experimentais. Os derivados das variedades Guarani e IAC 64 apresentaram capacidade de expansão superior a 30 mL/g (médias de 36,0 mL/g e 34,8 mL/g nos dois ensaios). Em experimento realizado por SAWASAKI et al. (2000), famílias S₅ e S₆ da variedade Guarani e famílias S₃ da variedade IAC 64 foram cruzadas com um híbrido simples de linhagens da população SAM, visando avaliar o potencial de linhagens de variedades brasileiras em produzir híbridos superiores. O nível de qualidade dos híbridos de 'topcross' foi elevado em todos os ensaios, com médias de CE de 32,9 mL/g e 33,8 mL/g para os dois grupos, valores comparáveis à média das testemunhas Zélia e Composto USA, 35,8 mL/g. Em experimentos localizados em Campos, RJ, Capinópolis e Coimbra, MG, e em Maringá, PR, onde foi utilizado o híbrido simples modificado IAC 112 e o híbrido triplo Zélia como testemunhas, (CÂMARA, 2002) encontrou em média para os quatro locais, CE de 31,90 mL/g e 34,60 mL/g, respectivamente.

Quanto à qualidade da pipoca comercializada no país, pode-se considerar os resultados de MATTA e VIANA (2001). O milho-pipoca proveniente das marcas Yoki e Hikari apresentaram CE média de 39,49 mL/g e 34,16 mL/g, respectivamente, com a utilização de pipoqueiras de ar quente. Quando utilizado forno de microondas, encontrou-se CE média de 29,34 mL/g para a marca comercial Yoki. Com estes resultados pode-se concluir que híbridos ou variedades produzidos no Brasil devem apresentar valores de CE superiores a 30 mL/g.

Segundo LINARES (1987), a CE é uma característica condicionada por fatores genéticos de herança poligênica, sendo afetada pelo genótipo e pelo ambiente. A herdabilidade deste caráter é, em geral, alta, variando de 70% a

90%. Cruzamentos entre linhagens de alta CE tendem a produzir híbridos com CE elevada, embora algumas linhagens de baixa CE possam ser de valor em cruzamentos com linhagem de alta CE. Cruzamentos entre linhagens de alta e baixa CE, tendem a produzir híbridos com valores intermediários de CE (LYERLY, 1942). Em trabalho com famílias S_2 da população de milho-pipoca Beija-Flor, realizado por SANTOS (2002), encontrou-se herdabilidade em sentido amplo de 75% para CE. Já VILARINHO (2001), trabalhando com famílias S_1 e S_2 da mesma população, encontrou herdabilidades em sentido amplo mais baixas, 60% e 32%, respectivamente. CÂMARA (2002) encontrou herdabilidades de 64,8% e 81,9%, em dois ensaios para famílias S_3 da mesma população.

A CE não apresenta efeito de xênia. O pólen diferente daquele do milho-pipoca não afeta a CE ou a qualidade comestível dos grãos produzidos por cruzamento, o que sugere que o pericarpo (tecido materno) seja o responsável pela CE. Entretanto, caso se utilize estes grãos para plantio, ocorrerá segregação para tipos normal e pipoca (GAMA et al., 1990).

Os principais fatores não genéticos que afetam a capacidade de expansão são a umidade dos grãos e a temperatura. Outro muito importante é o nível de dano no pericarpo e endosperma causados na colheita, secagem e armazenamento dos grãos e por ataques de pragas e patógenos (ALEXANDER e CREECH, 1977). Segundo HOSENEY et al. (1983), a expansão é maior em pericarpos íntegros e mais espessos. As temperaturas mais adequadas para estourar a pipoca devem ser maiores que 175 °C e menores que 200 °C, após dois ou três minutos do início do aquecimento (WEATHERWAX, 1922; HOSENEY et al. 1983). Em trabalho para avaliar as conseqüências de danos mecânicos sobre a CE, considerando a população CMS-43, sendo que os danos foram causados pela passagem dos grãos uma ou duas vezes em um debulhador elétrico de cereais, verificou-se que os danos promoveram redução na capacidade de expansão. Os valores médios de CE foram 20,83 mL/g, 15,17 mL/g e 12,17 mL/g, para os tratamentos sem danos, com danos e com danos dobrados, respectivamente (PACHECO et al., 1996).

Quanto ao teor de umidade, encontram-se resultados muito variáveis, como os de DALBELLO et al. (1995), que recomendam um teor de umidade entre 10,5% e 15,0% para maximizar a capacidade de expansão. HOSENEY et al. (1983) encontraram maior expansão na faixa de 13% a 17%, e SAWASAKI et al. (1986) observaram maior expansão entre 10,5% e 11,5%. Assim pode-se concluir que o importante é a padronização da umidade para o teste de CE nos programas de melhoramento (NASCIMENTO e BOITEUX, 1994).

Doenças fúngicas que ocorrem nos grãos também podem comprometer a integridade física destes, causando diminuição da capacidade de expansão. Existem evidências de correlação negativa entre proporção de espigas com grãos atacados por fungos e CE, $-0,25$ segundo SANTOS (2002). Em experimento realizado por KATTA e BULLERMAN (1995), duas variedades de milho-pipoca, uma de grãos brancos e a outra de grãos amarelos, foram utilizadas num estudo para analisar a influência da alta temperatura (35 °C) e da elevada umidade relativa do ar (85%) sobre a ocorrência de fungos em grãos. Os grãos foram embalados em sacos e jarras plásticos por 90 dias. Foram observados: (i) redução na CE (cc/g), de 32,8 e 36,2 para 23,2 e 26,9, para as populações branca e amarela, respectivamente; (ii) aumento na ocorrência de fungos, principalmente a partir do sexagésimo dia de armazenamento; (iii) predominância de fungos do grupo de *Aspergillus glaucus*; (iv) entre as espécies que foram inoculadas, *A. flavus*, *Penicillium martensii* e *P. viridicatum*, não foram capazes de colonizar os grãos armazenados nas condições descritas. Portanto, o correto armazenamento dos grãos é fundamental para evitar o desenvolvimento de fungos que venham prejudicar fisicamente os grãos, diminuindo a CE.

O aspecto dos grãos também é um fator que se deve considerar para uma melhor qualidade comercial de uma população. A demanda preferencial nos mercados brasileiro e norte americano é por grãos pequenos, uniformes e de coloração amarelo-alaranjada. Nos Estados Unidos, em 1990, milho-pipoca com estas características representou 94,3% do total produzido (ZIEGLER e ASHMAN, 1994). O tamanho e a forma dos grãos também afetam a CE, sendo

que grãos pequenos e arredondados (tipo pérola) apresentaram maior CE (LYERLY, 1942). SHI (1992) observou correlação positiva entre tamanho do grão e tamanho da pipoca, mas correlação negativa entre a primeira variável e capacidade de expansão.

Na avaliação da capacidade de expansão, existem vários equipamentos disponíveis, sendo o mais usual as pipoqueiras de ar quente. O importante na comparação de CE entre diferentes populações é a padronização dos procedimentos e equipamentos adotados nos experimentos. Comparando equipamentos de avaliação de CE, PACHECO et al. (2001) verificaram que a pipoqueira da Embrapa Milho e Sorgo precisa ser calibrada com a MWVT (Metric Weight Volume Tester), considerada o equipamento oficial ou padrão. Entretanto, por ter permitido o melhoramento em qualidade da variedade Ângela, o equipamento do CNPMS, assim como microondas, pipoqueira de ar quente e a pipocadora do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), podem ser considerados eficientes na avaliação de CE.

2.1.2. Produtividade

Apesar da principal característica no melhoramento de milho-pipoca ser a qualidade, deve-se também considerar a produtividade como uma prioridade, pois é a característica mais importante para os produtores. Com híbridos mais produtivos, a cultura do milho-pipoca pode tornar-se uma excelente alternativa no uso da terra, em relação a outras culturas, resultando em aumento da área plantada e da produção.

O milho-pipoca, como o milho comum, não deve ser semeado em locais e/ou épocas onde a temperatura mínima seja inferior a 10 °C e a temperatura máxima ultrapasse 40 °C, sendo a temperatura ideal para atingir melhores produtividades em torno de 30 °C. Em regiões e/ou épocas onde a precipitação total seja inferior ou superior a 600 mm, porém distribuída em períodos em que o teor de água disponível no solo para a planta seja inferior a 40%, haverá

queda na produção da cultura. As adubações de plantio e de cobertura e o controle de pragas e doenças podem ser os mesmos recomendados para o milho comum (GAMA et al., 1990).

Em dois experimentos com milho-pipoca realizados em Coimbra, MG, GALVÃO et al. (2000) avaliaram híbridos simples modificados e triplos, todos experimentais, os quais apresentaram elevada produção (médias de 4,0 t/ha e 4,6 t/ha). Em experimento realizado por SAWASAKI et al. (2000), famílias S₅ e S₆ da variedade Guarani e famílias S₃ da variedade IAC 64 foram cruzadas com um híbrido simples de linhagens da população SAM, visando avaliar o potencial de linhagens de variedades brasileiras em produzir híbridos superiores. O nível de produtividade dos híbridos de 'topcross' foi elevado em todos os ensaios, com médias de produtividade de 5,0 t/ha e 4,2 t/ha, para os híbridos das famílias de Guarani e IAC 64, respectivamente, sendo estes valores superiores à média das testemunhas Zélia e Composto USA, de 2,9 t/ha. Em um ensaio de híbridos de 'topcross' de famílias S₃ da população Beija-Flor de milho-pipoca, realizado em vários locais, as testemunhas IAC 112 e Zélia apresentaram produtividades de 2171,23 kg/ha e 2032,32 kg/ha em Campos, RJ, 4245,8 kg/ha e 3189,2 kg/ha em Coimbra, MG, 2614,4 kg/ha e 1454,1 kg/ha em Capinópolis, MG e 2313,0 kg/ha e 1482,7 kg/ha em Maringá, PR, (CÂMARA, 2002). As produtividades médias foram 2836,1 kg/ha para IAC 112 e 2039,6 kg/ha para Zélia. Estes resultados sugerem que para um híbrido ser lançado no país, deve possuir além de capacidade de expansão elevada, uma produtividade média superior ou próxima a 3 t/ha.

Uma das características que diferenciam o milho-pipoca do milho comum é a prolificidade, que é um dos mais importantes componentes da produtividade. Como está correlacionada positivamente com a produtividade e com outros caracteres agrônômicos desejáveis, poderá ser usada eficientemente para a obtenção de melhores variedades de milho (LIRA, 1983).

LIEN et al. (1976) realizaram um estudo em condições de campo e observaram nas populações de milho-pipoca densidades populacionais de 45.714 a 65.480 plantas por ha, sendo as densidades mais comuns de 49.420 a

56.830 plantas/ha. A proporção de plantas quebradas variou de zero a 62%, com as maiores freqüências na faixa de 5% a 10%. A produção mínima foi de 2.653 kg/ha (17,8% de umidade), de uma população com baixo índice de prolificidade (IP = 0,7). A melhor produção foi de 6.777 kg/ha (17,1% de umidade), de uma população com IP de 0,9, mostrando uma relação positiva entre prolificidade e produtividade.

A produtividade geralmente apresenta correlação negativa com a CE, com valores bastante variáveis, mostrando que a seleção para CE e produtividade pode apresentar diferentes níveis de dificuldade, dependendo da população. Valores de correlação genotípica de -0,34, encontrado por DOFING et al. (1991), -0,25, encontrado por LIMA et. al. (1971), -0,59, encontrado por BRUNSON (1931), -0,39 e -0,31, encontrados por VILARINHO (2001), e -0,14, encontrado por SANTOS (2002), expressam bem a variabilidade encontrada em populações de milho-pipoca, embora, em geral, ganhos em qualidade e produção podem ser obtidos com a utilização de índices de seleção (MATTA, 2000 e VILARINHO, 2001). CÂMARA (2002), trabalhando com famílias S₃ de milho-pipoca, encontrou correlação genotípica positiva entre CE e produção, certamente uma conseqüência dos processos seletivos anteriores, realizados por VILARINHO (2001) e SANTOS (2002).

2.1.3. Resistência a doenças

O milho-pipoca é considerado mais susceptível às doenças que ocorrem na espécie *Zea mays L* e, portanto, deve ser dada maior atenção no melhoramento visando resistência às doenças, quando comparado com outros tipos de milho. Em situações epidêmicas, algumas doenças podem causar grandes perdas em produtividade, o que aumenta o risco da cultura, tornando menos viável o seu plantio econômico. Tendo em vista que a melhor forma de controle de doenças do milho é o uso de variedades resistentes, é de fundamental importância a seleção de genótipos com maior grau de resistência.

Em termos de resistência, pode-se considerar a horizontal, que é governada por vários genes, e a vertical, que é monogênica ou oligogênica. A primeira fornece resistência parcial a todas as raças de um patógeno e a segunda confere uma resistência maior a apenas uma raça. A resistência horizontal está associada, em geral, a genes de efeito menor que, aditivamente, fornecem um tipo de resistência não específica, estável, duradoura, cumulativa, economicamente viável e inócua (ROBINSON e CHIARAPA, 1975). No contexto epidemiológico, a resistência horizontal diminui a taxa aparente de infecção e/ou o inóculo inicial, sendo que no contexto genético é, em geral, governada por vários genes (poligênica), mas, excepcionalmente, pode ser oligogênica (VAN DER PLANK, 1963). Dentre as formas de resistência, a horizontal pode ser obtida facilmente para algumas doenças de grande importância no milho.

Entre as doenças de importância no milho, deve-se destacar as causadas por fungos. Manchas foliares causadas por *Exserohilum turcicum* e *Phaeosphaeria maydis* podem ser responsáveis por perdas de até 90% e 60% respectivamente (HUGHES e HOOKER, 1971; LOPES, 1999). Outras doenças foliares também são de grande importância, como a mancha causada por *Helminthosporium maydis* e as ferrugens polysora (*Puccinia polysora*), tropical ou branca (*Physopella zaeae*) e comum (*Puccinia sorghii*), que também podem causar grandes perdas na produção de grãos. SANTIAGO e BÜLOW (1979) relataram produtividades bastante inferiores, no Distrito Federal, das variedades Pipoca Americana e Pirapoca, altamente suscetíveis à *E. turcicum*, quando comparadas à variedade resistente Composto Indígena. Quanto às perdas causadas por *E. turcicum*, CHENOLU e HORA (1962) relataram que estas podem variar de 27 a 90% na produção de grãos. As perdas em produtividade são devidas a danos na área foliar, principalmente quando são comprometidas as folhas superiores, que vão produzir os fotoassimilados para compor os grãos. O enchimento de grãos ocorre no final do ciclo, fase em que as plantas apresentam maior grau de doença, o que agrava o problema.

Dentre as formas de avaliação do nível de doença, pode-se citar técnicas para medir a quantidade de esporos produzidos e utilização de escalas de notas que avaliam a porcentagem de tecido foliar atacado, a porcentagem de folhas atacadas, a severidade e a disposição das lesões de tecidos ou folhas afetadas nas plantas. A época ideal para avaliação com escalas de notas pode variar de 10 a 30 dias após o florescimento, pois é nesta fase que ocorre o enchimento de grãos. Em experimento realizado por BLEICHER (1988), verificou-se que o parâmetro mais sensível na diferenciação de níveis de resistência a *E. turcicum*, em ciclos de seleção em milho-pipoca, foi a porcentagem de tecido foliar infectado, avaliado aos 13 e 19 dias após o florescimento.

Alguns trabalhos de melhoramento com milho-pipoca indicam que a utilização de escalas de notas é eficiente para obtenção de ganhos simultâneos em resistência horizontal, para duas ou mais doenças foliares, mesmo com correlação negativa (ARNHOLD, 2001; PINHEIRO, 2002). Com correlação genotípica de -0,35 entre notas de resistência a *P. sorghi* e *H. maydis*, 0,24 entre notas de resistência a *P. sorghi* e *P. maydis* e -0,59 entre notas de resistência a *H. maydis* e *P. maydis*, utilizando índice de Elston para seleção de famílias mais resistentes às três doenças simultaneamente, obteve-se ganhos preditos de -7,4% para resistência a *H. maydis*, -9,8% para resistência a *P. sorghi* e -3,9% para resistência a *P. maydis*. O ganho é negativo devido à diminuição das notas, que indicam as plantas menos afetadas por doença (ARNHOLD, 2001).

Em três ciclos de seleção recorrente fenotípica para resistência a *E. turcicum*, com a utilização de escala diagramática para porcentagem do tecido foliar infectado, foi possível obter ganhos realizados de -20%, -35% e -38% de área foliar infectada, respectivamente nos ciclos 1, 2 e 3, em relação à população original (BLEICHER et al., 1993). Verificou-se, também, que a seleção recorrente fenotípica foi eficiente em aumentar o peso médio de grãos por parcela útil, sem ter modificado a capacidade de expansão.

Segundo MILLES et al. (1980), o aumento da resistência quantitativa a *E. turcicum* é rápida, eficiente e possível por qualquer um dos vários métodos de seleção recorrente.

2.1.4. Resistência ao acamamento e quebramento

A resistência ao acamamento e quebramento também tem grande importância no melhoramento do milho-pipoca e deve-se procurar o parâmetro mais eficiente para discriminar as plantas indesejáveis no processo de seleção.

DJORDJEVIC e IVANOVIC (1996) realizaram um experimento a partir de uma população de milho derivada do cruzamento entre um material resistente ao quebramento e um suscetível. Observaram que o teor de água do colmo tem acentuada influência sobre o quebramento e a produção. As correlações genotípicas do teor de água com porcentagem de plantas quebradas e produção foram de - 0,46 e - 0,42, respectivamente.

A partir de um dialelo com linhagens de milho, KANG et al. (1999) estudaram a determinação genética da resistência ao quebramento, medida a partir da força de penetração na casca. O penetrômetro foi usado no terceiro internódio basal e no internódio abaixo da espiga superior. Verificou-se que apenas os valores medidos no internódio abaixo da primeira espiga revelaram significância dos efeitos de capacidade geral de combinação.

Visando avaliar a eficiência de várias características do colmo de plantas de milho, como medida de seleção para resistência ao quebramento, HONDROYANNI et al. (2000) observaram correlações significativas entre porcentagem de quebramento e características de resistência à perfuração, deformação e quebra. Nenhuma relação foi observada entre resistência ao quebramento e caracteres morfológicos (relação altura de planta e altura da primeira espiga, diâmetro do colmo, peso e densidade do colmo) e químicos (teores de açúcares, lignina, e concentração de N, K e Na).

A partir de um dialelo parcial envolvendo linhagens de milho forrageiro, cinco suscetíveis ao acamamento, duas resistentes e duas de comportamento

intermediário, HÉBERT et al. (1992) verificaram pouca associação entre medidas do número de raízes em diferentes internódios, características do sistema radicular e caracteres da parte aérea, com número de plantas acamadas e ângulo de acamamento. As exceções foram direção de crescimento do sistema radicular e diâmetro das raízes, principalmente direção de crescimento do sistema radicular.

GUINGO e HÉBERT (1997) estudaram correlações genotípicas entre caracteres do sistema radicular relacionados ao acamamento, utilizando milho forrageiro, e identificaram QTL's associados com os mesmos, tornando possível a seleção assistida por marcadores moleculares, principalmente quando as condições de clima e solo não forem favoráveis à seleção para resistência ao acamamento.

GUINGO et al. (1998), avaliaram a associação genotípica de características do sistema radicular de milho com uma medida de resistência ao acamamento forçado (em Newton/grau), medida com o aparelho de Fouéré, e encontraram valores significativos e relevantes apenas com o número de raízes no oitavo internódio, ângulo de direção de crescimento das raízes no sétimo e oitavo internódios e comprimento dos mesmos internódios.

Trabalhando com famílias S_1 e S_3 de milho-pipoca, FARIA (2001) concluiu que características como altura de planta, altura de espiga, índice de espiga, diâmetro do colmo (medido no meio do internódio imediatamente abaixo da primeira espiga), número de espigas e peso de espiga não são características sistematicamente determinantes de acamamento e quebraimento em plantas de milho-pipoca.

2.1.5. Métodos de melhoramento

O desenvolvimento de populações melhoradas de milho-pipoca inclui melhoramento intra e interpopulacional, e desenvolvimento de linhagens para produção de híbridos. Após a melhoria de uma população, esta pode ser utilizada diretamente como nova variedade ou como fonte de linhagens

superiores. A seleção recorrente é empregada para aumentar gradativamente a frequência de genes desejáveis para uma característica quantitativa, por meio de repetidos ciclos de seleção, sem reduzir a variabilidade genética da população. Este método envolve três etapas: obtenção e avaliação de famílias, e recombinação das famílias superiores, para formar a geração seguinte (BORÉM, 1998).

Segundo RADEMACHER et al. (1999) a seleção recorrente recíproca (SRR) não tem sido amplamente adotada pelos melhoristas de milho, simplesmente porque os métodos genealógicos foram eficientes no desenvolvimento de linhagens superiores. Porém, segundo os autores, os métodos de SRR têm promovido o melhoramento dos híbridos das populações envolvidas, bem como o aumento da heterose.

Pela praticidade e por ter mostrado possibilitar ganhos satisfatórios por ciclo de seleção, talvez o método de meios-irmãos seja o mais indicado para o melhoramento de uma população de milho-pipoca. Segundo PACHECO (1987), seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos é o método de seleção de alógamas mais utilizado no Brasil. PATERNIANI (1967) obteve progresso médio por ciclo, da produtividade de famílias de meios-irmãos de uma variedade de milho amarelo dentado, de 13,6%. Quando se compara seleção massal com o método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, percebe-se, analisando resultados na literatura, que os ganhos obtidos por este último são bem mais satisfatórios. LIMA et al. (1973), em trabalhos de seleção massal estratificada em duas populações de milho-pipoca, obtidas após dois ciclos, encontraram ganhos irrelevantes em relação à CE (3,7% para a população branca e 1,8% para a amarela). LIRA (1983), utilizando famílias de meios-irmãos, obteve ganho esperado em relação à CE de 24,8% em um ciclo de seleção, sendo 13,6% devido à seleção entre e 11,2% devido à seleção dentro, mostrando a importância da seleção dentro de famílias.

Os resultados obtidos por MATTA (2000), utilizando índice de seleção com CE e produção, indicam possibilidade de realização de um ciclo de seleção

entre e dentro de famílias de meios-irmãos no período de um ano, com seleção dentro com base em CE fora da estação normal de cultivo.

Apesar de, teoricamente, esperar-se maior eficiência com famílias de irmãos-completos, pela maior eficiência do controle parental e a melhor utilização da variância genética aditiva, os resultados encontrados na literatura mostram certa superioridade do método de famílias de meios-irmãos, devido a este explorar maior tamanho efetivo da população, além de aspectos práticos que o tornam mais viável (PATERNIANI e CAMPOS, 1999).

Em dois ciclos de seleção recorrente com milho-pipoca, sendo o primeiro com famílias de irmãos-completos e o segundo com famílias S_1 , DAROS (2003) obteve ganhos de 10,4% para CE e 4,7% para produção, no primeiro ciclo, e 17,8% para CE e 26,9% para produção, no segundo.

Para caracteres de baixa herdabilidade, recomenda-se utilizar famílias endogâmicas, porque a endogamia faz aumentar a variância genética aditiva detectada entre famílias (HALLAUER, 1980). A fração do coeficiente da variância genética aditiva entre famílias é 1,0 para famílias S_1 , 1,5 para famílias S_2 e aproximadamente 2,0 para famílias S_n , entretanto, esse coeficiente se reduz para 0,25 para famílias de meios-irmãos e 0,5 para famílias de irmãos completos (HALLAUER et al., 1988).

O método de seleção recorrente utilizando famílias endogâmicas requer polinização controlada e o tamanho efetivo é o menor de todos, quando comparado com o mesmo número de famílias selecionadas por outros métodos (ZIEGLER e ASHMAN, 1994). WRIGHT (1980) também encontrou resultados em que seleção com base em famílias S_1 é mais eficiente em aumentar a frequência de genes favoráveis, principalmente quando existe dominância completa ou parcial.

Utilizando famílias S_1 e S_2 no melhoramento intrapopulacional de milho-pipoca, VILARINHO (2001) concluiu, analisando os ganhos preditos e realizados, que a melhor estratégia de seleção foi utilização do índice de seleção de Mulamba e Mock, com peso 1 para produção e 2 para CE. Nos trabalhos de SANTOS (2002), com famílias S_2 e CÂMARA (2002) com famílias

S_3 , da mesma população, pode-se observar que a melhor estratégia de seleção foi com a utilização de peso 1 para produção e 3 para CE.

Analisando o trabalho de VASAL et al. (1995), com populações de milho, pode-se concluir que famílias S_n também podem ser utilizadas com sucesso num programa de seleção recorrente, quando se deseja diminuir a depressão por endogamia no processo de produção de linhagens.

No caso de produção de linhagens, já se observou que o objetivo do melhorista de milho não é obter a melhor linhagem, mas sim a melhor combinação (SHULL, 1909). Segundo RUSSELL (1976), o principal objetivo do melhorista de milho é o desenvolvimento de linhagens com desempenho superior em combinações híbridas. Em geral, as linhagens só demonstram o seu real potencial quando em combinação. Num processo de produção de linhagens, JENKINS (1935) foi o primeiro a sugerir a idéia do teste precoce ("early testing"). Para uma avaliação preliminar de linhagens endogâmicas, o uso de "topcross" é de grande utilidade na determinação da capacidade geral de combinação de grande número de famílias endogâmicas.

No trabalho de WANG et al. (1994) a heterose para produção de híbridos F_1 de pipoca pôde ser predita com base na divergência genética das linhagens. No trabalho de GAMA e HALLAUER (1977) caracteres de plantas e espigas de linhagens de milho não foram bons indicadores de seu desempenho em híbridos simples. As correlações da produção de linhagens com produção de híbridos simples foram de 0,09 e 0,11. Isso mostra que o teste de produção de híbridos simples é o único procedimento para determinar o potencial de combinação das linhagens.

Evidências de que as linhas S_1 de mais alta produção tendem a produzir os cruzamentos de mais alta produção, mesmo que nem todas as linhas S_1 o façam, foram encontradas por GENTER e ALEXANDER (1966). Apesar disso, os autores observaram que a correlação entre produção de linhas endógamas e seus cruzamentos tende a diminuir com a endogamia continuada, o que poderia ser explicado pela influência de genes deletérios na expressão de genes desejáveis nas linhas endogâmicas. Alguns autores, como JENKINS (1929),

HAYES e JOHNSON (1939) e RUSSELL e TEICH (1967), encontraram correlação positiva entre características de vigor das linhagens e o comportamento de seus híbridos.

Segundo SPRAGUE e MILLER (1952), a seleção visual durante a fase de endogamia nas gerações S_1 a S_4 , em dois grupos de famílias de milho, não gerou diferenças quanto à capacidade de combinação. Ao contrário, WELLHAUSEN e WORTMAN (1954) e OSLER et al. (1958) apresentaram provas da eficiência da seleção visual na melhoria da capacidade de combinação. A seleção visual e a experiência do melhorista são importantes no processo de seleção, pois, segundo BAUMAN (1981), em média, os melhoristas de milho americanos começam com aproximadamente 500 famílias e descartam 64% das famílias S_4 com base em seleção visual.

No processo de obtenção de linhagens deve-se ficar atento também na diminuição da eficiência da seleção dentro, pois, segundo HALLAUER e MIRANDA FILHO (1988), após duas gerações de autofecundação ($F = 0,75$) a variância genética aditiva entre é seis vezes maior que a dentro de famílias. A endogamia faz aumentar a eficiência da seleção entre famílias, porém diminui a eficiência da seleção entre indivíduos de uma mesma família.

Após análise dos ganhos realizados, VILARINHO (2001), SANTOS (2002) e CÂMARA (2002) recomendaram na seleção de famílias S_1 , S_2 e S_3 , visando à produção de linhagens de milho-pipoca, o uso do índice de seleção de Mulamba e Mock, com peso 1 para produção e pesos variando de 2 a 3 para capacidade de expansão. Com estes pesos os autores previram ganhos em CE maiores que 90% do ganho máximo em CE, com ganho em produção mesmo com correlação genotípica negativa entre estas duas características. Utilizando pesos 3 para CE e 1 para produção, CÂMARA (2002) estimou ganhos dentro de famílias S_3 da população Beija-Flor de 330,2 kg/ha e 6,1 mL/g, e ganho total de 389,7 kg/ha e 8,7 mL/g. Com estes resultados, pode-se observar a grande importância de praticar seleção dentro, pelo menos até a terceira geração de autofecundações.

Comparando várias estratégias de seleção de famílias S₂ de milho-pipoca, visando à obtenção de linhagens, SANTOS (2002) concluiu que a melhor foi a seleção entre e dentro, cujos ganhos preditos em relação a CE e produção foram de 213,6 kg/ha e 8,2 mL/g.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

Neste trabalho foram utilizados dados de um teste de famílias S_4 da população Beija-Flor, do programa de melhoramento de milho-pipoca desenvolvido pelo Setor de Genética do Departamento de Biologia Geral, da Universidade Federal de Viçosa. As famílias e suas genealogias estão descritas no Quadro 1.

Quadro 1 – Genealogias das famílias S_4 da população Beija-Flor, segundo VILARINHO (2001), SANTOS (2002) e CÂMARA (2002)¹

Família S_1	Status	Família S_2	Status	Família S_3	Status	Família S_4
8	Sel.	99 - 234-2	N. Sel.	00-10-2	Sel.	01-244-2
				00-9-2	Sel.	01-242-2
24	Sel.	99-251-2	N. Sel.	00-32-2	N. Sel.	01-256-1
28	N. Sel.	99-724 a 725-1	Sel.	00-42-2	Sel.	01-260-4

32	N. Sel.	99-260-2	Sel.	00-47-1	Sel.	01-263-2
41	N. Sel.	99-266-2	Sel.	00-49-2	Sel.	01-265-1
						01-265-3
69	N. Sel.	99-770-1	Sel.	00-76-3	Sel.	01-273-2
						01-273-3
77	Sel.	99-294-1	N. Sel.	00-86-2	N. Sel.	01-285-1
93	N. Sel.	99-301-3	Sel.	00-95-1	Sel.	01-298-1
105	N. Sel.	99-310-1	N. Sel.	00-105-1	Sel.	01-303-3
		99-310-2	Sel.	00-106-2	Sel.	01-307-2
109	N. Sel.	99-315-1	N. Sel.	00-118-2	Sel.	01-313-1
114	Sel.	99-320-1	N. Sel.	00-127-2	N. Sel.	01-315-2
						01-315-4
				00-127-3	N. Sel.	01-317-2
		99-320-2	N. Sel.	00-128-1	Sel.	01-318-1
						01-318-3
						01-318-4
				00-128-2	Sel.	01-319-2
		99-320-3	Sel.	00-129-1	N. Sel.	01-321-3
						01-321-4
		99-815-1	N. Sel.	00-131-1	N. Sel.	01-323-7
115	Sel.	99-321-3	Sel.	00-135-3	Sel.	01-332-2
						01-332-3
116	Sel.	99-323-1	Sel.	00-137-1	N. Sel.	01-335-3
		99-323-2	Sel.	00-138-1	Sel.	01-339-2
		99-323-4	Sel.	00-141-1	N. Sel.	01-344-1
117	Sel.	99-324-1	Sel.	00-142-2	Sel.	01-346-2
						01-346-3
120	N. Sel.	99-326-1	Sel.	00-146-1	N. Sel.	01-351-1
						01-351-2
				00-146-2	Sel.	01-352-1
						01-352-3
126	Sel.	99-333-1	Sel.	00-152-1	Sel.	01-358-2
		99-333-2	N. Sel.	00-153-1	N. Sel.	01-359-3
				00-153-3	Sel.	01-362-1
						01-362-4
136	Sel.	99-340-1	N. Sel.	00-169-3	Sel.	01-383-1
		99-852 a 854-2	N. Sel.	00-172-1	N. Sel.	01-384-1
138	Sel.	99-343-1	N. Sel.	00-176-2	N. Sel.	01-397-1
145	Sel.	99-348-3	N. Sel.	00-188-2	N. Sel.	01-410-1
						01-410-2
						01-410-4
146	Sel.	99-349-1	N. Sel.	00-189-2	Sel.	01-412-2
						01-412-3
150	N. Sel.	99-353-3	Sel.	00-202-1	Sel.	01-425-1
						01-425-2
153	Sel.	99-356-1	Sel.	00-211-1	Sel.	01-443-3
				00-211-2	N. Sel.	01-444-1
						01-444-2
				00-211-3	N. Sel.	01-445-1
						01-445-2

159	N. Sel.	99-363-3	Sel.	00-223-3	Sel.	01-460-1
				00-223-4	Sel.	01-461-1
						01-461-2
		99-363-4	Sel.	00-224-5	Sel.	01-463-1
						01-463-2
						01-463-3
						01-463-4
						01-463-6
165	N. Sel.	99-370-1	Sel.	00-231-1	Sel.	01-469-3
		7	N. Sel.	99-389-1	Sel.	00-697-2
		13	N. Sel.	99-397-3	N. Sel.	00-656-1
		14	N. Sel.	99-398-1	N. Sel.	00-574-2
		15	N. Sel.	99-983 a 985-1	N. Sel.	00-542-1
						00-542-2
		28	Sel.	99-415-2	N. Sel.	00-544-1
		34	N. Sel.	99 – 1049 a 1052-1	Sel.	00-504-1
				99 – 1049 a 1052-2	Sel.	00-505-2
				99 – 423-1	Sel.	00-500-2
		40	Sel.	99-1076 a 1079-1	Sel.	00-520-3
		42	Sel.	99-433-1	Sel.	00-551-1
		44	Sel.	99-435-1	Sel.	00-663-1
		55	Sel.	99-449-3	Sel.	00-619-1
						00-619-2
		62	N. Sel.	99-1143 a 1146-1	Sel.	00-585-1
				99-1143 a 1146-2	Sel.	00-586-2
		78	Sel.	99-478-2	Sel.	00-631-1
						00-631-2
						00-631-3
		81	Sel.	99-1193 a 1194-1	Sel.	00-531-3
						00-531-4
				99-482-2	Sel.	00-529-1
						00-529-2
						00-529-3
		85	N. Sel.	99-1202 a 1203-1	Sel.	00-668-2
				99-487-2	Sel.	00-667-1
		86	N. Sel.	99-1204 a 1206-2	Sel.	00-639-5
		87	Sel.	99-1207 a 1209-1	Sel.	00-591-4
		88	Sel.	99-1210 a 1212-1	Sel.	00-523-1
		102	Sel.	99 – 507-1	Sel.	00-506-3
		109	Sel.	99-515-2	N. Sel.	00-608-1
		116	N. Sel.	99-1280 a 1281-2	Sel.	00-610-2
				99-524-1	N. Sel.	00-611-1
		118	Sel.	99-527-1	Sel.	00-674-2
		121	Sel.	99-1289-1	Sel.	00-708-1
				99-530-3	N. Sel.	00-712-1
		135	N. Sel.	99-548-1	Sel.	00-621-1
				99-548-3	Sel.	00-623-2
		136	N. Sel.	99-549-3	Sel.	00-511-1
		151	N. Sel.	99-1371 a 1373-2	Sel.	00-678-2
				99-1371 a 1373-4	Sel.	00-680-1

			99-1371 a 1373-5	Sel.	00-681-1
					00-681-2
160	Sel.		99-1389 a 1390-1	Sel.	00-695-1
					00-695-2
163	N. Sel.		99-583-1	Sel.	00-683-1
			99-583-2	Sel.	00-684-1
					00-684-3
					00-684-4
166	N. Sel.		99-587-3	Sel.	00-561-1
					00-561-2
168	Sel.		99-589-1	Sel.	00-580-3
			99-589-2	Sel.	00-581-2
					00-582-2
169	N. Sel.		99-590-1	N. Sel.	00-614-3
186	Sel.		99-612-2	Sel.	00-690-3
187	N. Sel.		99-613-2	N. Sel.	00-645-2
193	N. Sel.		99-620-1	Sel.	00-682-1
196	Sel.		99-624-1	N. Sel.	00-548-1
203	Sel.		99-633-2	Sel.	00-513-2
			99-633-3	Sel.	00-514-1
205	N. Sel.		99-635-1	N. Sel.	00-657-1
221	N. Sel.		99-655-1	Sel.	00-647-1
					00-648-2
					00-648-4
226	N. Sel.		99-662-3	Sel.	00-651-1

¹ Sel. = Seleccionada e N. Sel. = Não selecionada.

3.2. Métodos

3.2.1. Descrição do experimento

Cento e vinte e nove famílias foram avaliadas em Viçosa, em experimento sem repetição, na safra 01/02, com as testemunhas IAC 112 e Zélia após cada 10 famílias. Cada parcela correspondeu a uma fileira de 5 m, com 30 plantas, o que equivale a uma densidade de 66.666 plantas por hectare. O espaçamento entre fileiras foi de 0,9 m. As duas fileiras iniciais e finais foram também das testemunhas, definindo estratos de 10 famílias. Este experimento foi instalado em lote isolado no tempo e as plantas das testemunhas foram despendoadas, garantindo a recombinação apenas entre as famílias. Procurou-se autofecundar cinco plantas superiores em desenvolvimento vegetativo dentro de cada progênie. No entanto, foram utilizadas apenas 106 famílias nas

análises, devido ao baixo estande e/ou falta de plantas autofecundadas dentro de família.

3.2.2. Caracteres mensurados e metodologia aplicada na obtenção dos dados

As características avaliadas por parcela foram:

- altura de planta (AP), média das alturas, em metro, de três plantas competitivas, tomadas do nível do solo até a inserção da folha bandeira;
- altura de espiga (AE), média das alturas, em metro, das espigas das mesmas plantas utilizadas para medir a altura, tomadas do nível do solo até a inserção da espiga superior;
- plantas acamadas (PA), com ângulo superior a 30° entre o colmo e a vertical;
- número de plantas quebradas (PQ) abaixo da espiga superior;
- estande final (ST);
- número de espigas (NE);
- peso de cem grãos (PCG), em grama;
- peso de grãos (PG), em quilograma;
- umidade dos grãos (UG), porcentagem de umidade (base úmida) de uma amostra de grãos, medida logo após a pesagem, com equipamento da Kett Electric Laboratory ;
- número de espigas mal empalhadas (NEME);
- número de espigas atacadas por pragas (NEAP);
- número de espigas atacadas por doenças (NEAD) e
- capacidade de expansão (CE), relação entre o volume de pipoca, em mililitro (mL), e o peso de grãos utilizados, em grama (g).

A CE foi obtida a partir de uma amostra de 30 g de grãos de cada parcela. Utilizou-se uma pipoqueira de ar quente com potência de 1.200 watts. Para uniformizar a umidade dos grãos, visando o teste de CE, as amostras foram mantidas em câmara-fria, com temperatura de 10 °C e umidade de 50-55%, por pelo menos 30 dias. As amostras foram colocadas na pipoqueira de ar quente quando esta atingiu temperatura de 100 °C. Assim que os grãos foram colocados na pipoqueira, esta foi ligada até nenhum grão estourar mais por um período de cinco segundos. A pipoca foi, então, despejada em proveta de 1.000 mL, com o auxílio de um funil, e o volume de pipoca foi medido.

Na correção de produção de grãos e peso de cem grãos para umidade-padrão de 14,5%, antes de se proceder às análises estatísticas, aplicou-se a seguinte fórmula

$$P_c = \frac{P(100 - UG)}{85,5}$$

em que:

P_c é o peso dos grãos ou peso de cem grãos corrigido para 14,5% de umidade;

P é o peso dos grãos ou peso de cem grãos não corrigido para a umidade-padrão; e

85,5 é o teor de matéria seca quando a umidade é de 14,5%.

As características avaliadas nas plantas autofecundadas foram o peso de grãos da espiga autofecundada (PG), em grama, também corrigido para umidade padrão de 14,5% antes das análises e a capacidade de expansão (CE), tomada em amostra de 10 g.

Para estimação da variância ambiental dentro de famílias, foram tomados dados de 3 plantas ao acaso, dentro da fileira do IAC 112, pois sendo um híbrido simples modificado apresenta variação genotípica desprezível.

3.2.3. Correção dos dados

No delineamento inteiramente casualizado, a eficiência da seleção pode ser reduzida em razão de diferenças de ambiente entre parcelas, não consideradas no modelo estatístico. Havendo heterogeneidade ambiental, a superioridade de uma progênie pode ser em maior grau devido ao ambiente e não ao seu genótipo.

A realização de experimentos com repetição apenas das testemunhas pode ser justificado por apresentar vantagens práticas e econômicas. Com experimentos menores, pode-se economizar área, tempo e mão-de-obra, reduzindo os custos do programa de melhoramento, ou, alternativamente, podem ser conduzidos mais trabalhos sem elevação dos custos. Para contornar problemas devido a desuniformidade ambiental, podem ser adotados dois critérios de correção dos dados: um com base em regressão linear múltipla (SANTOS, 2002) e outro com base no desempenho de uma ou mais testemunhas em cada estrato (BACKES, 2000). Com correção eficiente, famílias em diferentes estratos podem ser adequadamente comparadas, maximizando a eficiência do processo seletivo. Com a utilização de duas ou mais testemunhas, pode-se adotar delineamento em blocos incompletos, descrito por FEDERER (1955), que considera controle local, estratificando a área em blocos. Para as análises de variância em delineamento inteiramente casualizado com número desigual de repetições dos tratamentos, deve-se empregar um processo de correção dos valores fenotípicos das famílias ao se encontrar diferenças entre as repetições de cada testemunha. Estas podem ser devidas a diferenças ambientais entre parcelas em um mesmo bloco de campo e/ou entre blocos de campo. Visando analisar tais efeitos sistemáticos, optou-se pelo processo de regressão dos valores fenotípicos das testemunhas como função de suas coordenadas no experimento, como sugerido por SANTOS (2002), descrita no modelo abaixo.

$$FS_{4ci} = FS_{4i} - \left[\hat{\beta}_1 (X_{1i} - 62,1) + \hat{\beta}_2 (X_{2i} - 12) + \hat{\beta}_3 (X_{1i} - 62,1)^2 + \hat{\beta}_4 (X_{2i} - 12)^2 + \hat{\beta}_5 (X_{1i} - 62,1)(X_{2i} - 12) \right]$$

em que:

FS_{4ci} é o valor fenotípico da progênie i corrigido;

FS_{4i} é o valor fenotípico da progênie i ;

X_{1i} e X_{2i} são as coordenadas referentes à posição da família i no experimento, sendo X_{1i} a posição da progênie dentro do bloco de campo e X_{2i} o ponto médio deste bloco (Quadro 2); os valores de X_{1i} dependem do espaçamento (0,9 m) e os de X_{2i} dependem do comprimento das parcelas (5 m) e da rua entre os blocos (1 m); e

$\hat{\beta}_1, \hat{\beta}_2, \dots, \hat{\beta}_5$ são as estimativas dos coeficientes da regressão dos valores fenotípicos das testemunhas em função de suas coordenadas X_{1i} e X_{2i} no experimento.

Quadro 2 – Esquema do experimento com as coordenadas das famílias S_4 e das testemunhas.

X_1 (m)	X_2 (m)		
	0	6	12
0	99-IAC 112	01-461-1	01-251-4
0,9	00-ZELIA	00-656-1	00-531-3
1,8	00-529-2	00-505-2	01-256-1
2,7	00-506-3	01-303-3	01-358-2
3,6	01-412-2	00-586-2	99-IAC 112
4,5	01-273-2	00-639-5	00-ZELIA
5,4	01-344-1	00-ZELIA	00-544-1
6,3	01-359-3	99-IAC 112	01-346-3
7,2	00-574-2	00-690-3	01-313-1
8,1	00-520-3	01-362-4	00-663-1
9	00-647-1	01-346-2	01-315-4
9,9	01-463-4	00-561-2	00-610-2
10,8	99-IAC 112	00-514-1	01-307-2
11,7	00-ZELIA	01-242-2	01-323-7
12,6	01-317-2	01-251-2	00-619-1
13,5	01-463-6	01-410-2	00-529-3
14,4	00-651-1	01-463-3	00-668-2
15,3	01-412-3	00-529-1	01-443-3

16,2	01-352-1	00-ZELIA	99-IAC 112
17,1	00-582-2	99-IAC 112	00-ZELIA
18	00-621-1	00-684-4	
18,9	00-680-1	01-265-1	
19,8	01-335-3	00-684-1	
20,7	01-273-3	01-319-2	
21,6	99-IAC 112	01-444-1	
22,5	00-ZELIA	00-585-1	
23,4	00-684-3	00-681-2	
24,3	00-697-2	01-410-1	
25,2	00-678-2	00-523-1	
26,1	00-561-1	00-548-1	
27	01-285-1	00-ZELIA	
27,9	00-591-4	99-IAC 112	
28,8	00-551-1	00-648-2	
29,7	01-463-1	01-332-3	
30,6	01-263-2	01-244-2	
31,5	01-425-2	01-445-1	
32,4	99-IAC 112	00-581-2	
33,3	00-ZELIA	01-384-1	
34,2	01-469-3	00-580-3	
35,1	01-298-1	00-712-1	
36	00-631-1	01-318-4	
36,9	01-260-4	00-631-3	
37,8	01-460-1	00-ZELIA	
38,7	01-383-1	99-IAC 112	
39,6	00-500-2	01-321-3	
40,5	01-265-3	00-623-2	
41,4	00-531-4	01-318-1	
42,3	01-318-3	00-513-2	
43,2	99-IAC 112	01-321-4	
44,1	00-ZELIA	00-608-1	
45	00-542-2	01-362-1	
45,9	01-352-3	01-444-2	
46,8	01-410-4	00-682-1	
47,7	00-683-1	01-351-1	
48,6	00-619-2	00-ZELIA	
49,5	00-611-1	99-IAC 112	

50,4	00-648-4	00-695-1
51,3	00-657-1	00-695-2
52,2	01-463-2	00-667-1
53,1	01-339-2	01-332-2
54	99-IAC 112	01-461-2
54,9	00-ZELIA	00-506-4
55,8	01-351-2	00-614-3
56,7	00-681-1	00-504-1
57,6	00-708-1	00-631-2
58,5	01-397-1	00-645-2
59,4	00-542-1	00-ZELIA
60,3	01-315-2	99-IAC 112
61,2	00-674-2	00-511-1
62,1	01-425-1	01-445-2

3.2.4. Análises de variância

As análises de variância foram feitas considerando delineamento inteiramente casualizado com número desigual de repetições, e delineamento em blocos incompletos (FEDERER, 1955) (Quadros 3 e 4).

Quadro 3 – Esquema da análise de variância de experimento no delineamento inteiramente casualizado, com f famílias não repetidas e t testemunhas repetidas r vezes^{1/}

FV	GL	QM	E (QM)
Famílias	f - 1	QMF	$\sigma_{PeF}^2 = \sigma^2 + \sigma_{GeF}^2$
Testemunhas	t - 1	QMT	-
F. vs. T.	1	QMFvsT	-
Resíduo	t(r - 1)	QMR	σ^2

^{1/} QMF = variância fenotípica entre famílias.

QMR = variância fenotípica média das testemunhas.

σ_{GeF}^2 = variância genotípica entre famílias.

Quadro 4 – Esquema da análise de variância de experimento no delineamento em blocos incompletos, com f famílias não repetidas e t testemunhas repetidas r vezes^{1/}

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	r - 1	QMB	-
Famílias	f - 1	QMF	$\sigma_{PeF}^2 = \sigma^2 + \sigma_{GeF}^2$
Testemunhas	t - 1	QMT	-
F. vs. T.	1	QMFvsT	-
Resíduo	$(r - 1)(t - 1) - 2^*$	QMR	σ^2

* Duas observações foram descartadas

3.2.5. Estimação de parâmetros genéticos

3.2.5.1. Variâncias genotípicas entre e dentro de famílias

O estimador da variância genotípica entre é

$$\hat{\sigma}_{GeF}^2 = QMF - QMR$$

A variância genotípica dentro é

$$\hat{\sigma}_{GdF}^2 = \hat{\sigma}_{PdF}^2 - \hat{\sigma}_d^2$$

em que:

$\hat{\sigma}_{PdF}^2$ é a variância fenotípica média dentro de famílias;

$\hat{\sigma}_d^2$ é a variância fenotípica média dentro do IAC 112.

Para obtenção das variâncias dentro de famílias, foram utilizados os dados de produção e CE das espigas autofecundadas. A estimativa da

variância fenotípica foi obtida pela média ponderada das variâncias em cada família. A variância residual foi obtida pela média das variâncias em cada fileira da testemunha IAC 112. A variância genotípica foi obtida pela diferença das duas. Como foi utilizado um híbrido, que em comparação com famílias endogâmicas tem diferença de sensibilidade em relação ao ambiente, pode-se considerar que a variância genotípica entre e dentro é superestimada, sendo que parte desta variância é devido aos efeitos de ambiente.

3.2.5.2. Herdabilidades

A herdabilidade em nível de média de família é dada por

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_{GeF}^2}{\hat{\sigma}_{PeF}^2}$$

A eficiência da seleção dentro foi avaliada pela herdabilidade em nível de planta dentro de família, cujo estimador é

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_{GdF}^2}{\hat{\sigma}_{PdF}^2}$$

3.2.5.3. Correlações genotípicas

As associações genotípicas, quantificadas pela correlação, podem contribuir, mas também podem ser um obstáculo no processo de melhoramento em que se deseja obter ganhos genéticos para duas ou mais características. Visando avaliar os efeitos indiretos dos processos de seleção entre e dentro, foram estimadas correlações genotípicas. A correlação genotípica entre os caracteres X e Y é, genericamente,

$$\rho_{G_{X,Y}} = \frac{\sigma_{G_{XY}}}{\sqrt{\sigma_{G_X}^2 \sigma_{G_Y}^2}}$$

sendo $\sigma_{G_{XY}}$ a covariância genotípica, cujo estimador é

$$\hat{\sigma}_{G_{XY}} = \frac{\hat{\sigma}_{G_{(X+Y)}}^2 - \hat{\sigma}_{G_X}^2 - \hat{\sigma}_{G_Y}^2}{2}$$

em que $\hat{\sigma}_{G_{(X+Y)}}^2$, $\hat{\sigma}_{G_X}^2$ e $\hat{\sigma}_{G_Y}^2$ são os estimadores das variâncias genotípicas para as variáveis X+Y, X e Y, respectivamente.

3.2.6. Estratégias de seleção

Para melhoramento populacional, foram selecionadas 35 famílias S₄, considerando seleção direta em CE, seleção direta em produção e seleção com o uso do índice de Mulamba e Mock, com peso 3 para CE e 1 para produção. Como a recombinação envolveu todas as famílias, o ganho genético predito é a metade do ganho genético predito com seleção visando a obtenção de linhagens.

Com o objetivo de obter famílias S₅ superiores em qualidade e produção, foi feita seleção entre e dentro com base em capacidade de expansão e no índice de MULAMBA e MOCK (1978), com peso 3 para CE e 1 para produção. Estes pesos foram escolhidos devido aos resultados favoráveis encontrados por VILARINHO (2001), SANTOS (2002) e CÂMARA (2002). Também foi computado, apenas como um referencial do ganho máximo em produtividade, o ganho com seleção direta para produção.

Foram utilizadas duas proporções de famílias selecionadas: seleção de 35 e 70 famílias, correspondendo a 33,3% e 66,7%, respectivamente, em relação ao total de famílias. Com maior intensidade de seleção (seleção de 35 famílias), espera-se maiores ganhos genéticos.

Na seleção dentro foram selecionadas 70 plantas dentro de 35 e de 70 famílias. Como foi obtido um total de 304 plantas autofecundadas em 106 famílias, tem-se, em média, aproximadamente três plantas autofecundadas para cada família. Portanto, com seleção de 70 plantas dentro de 35 famílias, foram selecionadas aproximadamente 2 plantas dentro de cada família, ou seja, proporção de seleção dentro de 66,7%. Com seleção de 70 plantas dentro de 70 famílias, foram selecionadas aproximadamente uma planta dentro de cada família, ou seja, proporção de seleção dentro de 33,3%. A maior intensidade de seleção ocorre na seleção dentro de 70 famílias, onde são esperados maiores ganhos, pois se espera que ocorra maior contribuição dos ganhos dentro quando maior proporção de famílias é selecionada e uma mesma quantidade de plantas for selecionada dentro destas.

Em relação às duas combinações de proporções de famílias e plantas selecionadas, foram avaliadas a eficiência e a relevância da seleção dentro. A avaliação da importância da seleção dentro de famílias S_4 foi feita também com base nos ganhos realizados, computados a partir dos dados do teste de famílias S_5 .

3.2.7. Ganhos genéticos preditos

O ganho direto com seleção é, genericamente

$$\Delta G = p \cdot DS \cdot h^2$$

em que:

p é o controle parental ($p = 1/2$ com seleção intrapopulacional e $p = 1$ no caso de seleção visando à obtenção de famílias S_5);

DS é o diferencial de seleção;

h^2 é a herdabilidade no sentido amplo.

O ganho indireto em Y , devido à seleção com base em X , é

$$\Delta G_{Y(X)} = p \cdot DS_{Y(X)} \cdot h_Y^2$$

em que:

p é o controle parental ($p = 1/2$ com seleção intrapopulacional e $p = 1$ no caso de seleção visando à obtenção de famílias S_5);

$DS_{y(x)}$ é o diferencial de seleção indireto, obtido em função da média do caráter Y dos indivíduos selecionados, cuja superioridade é evidenciada com base no caráter X ; e

h^2_Y é a herdabilidade em sentido amplo do caráter Y .

3.2.7. Ganhos genéticos realizados

Os ganhos realizados com seleção de famílias S_4 foram calculados pela diferença entre a média de todas as famílias S_5 derivadas das selecionadas e as médias de todas as famílias S_5 . A média das famílias S_5 que descendem de plantas de famílias S_4 selecionadas, subtraída da média de todas as famílias S_5 , corresponde a apenas uma parte do ganho realizado com seleção entre famílias S_4 . A média das famílias S_5 que descendem de plantas selecionadas dentro de famílias S_4 selecionadas, subtraídas da média de todas as famílias S_5 , corresponde a uma parte do ganho genético realizado com seleção entre e dentro de famílias S_4 , ou seja, corresponde a uma parte do ganho realizado total. O ganho genético realizado com a seleção dentro de famílias S_4 foi obtido pela diferença entre o ganho genético realizado com a seleção entre e o ganho genético realizado total, que, pelo exposto, corresponde a uma parte do ganho genético realizado com seleção dentro de famílias S_4 .

4.1. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Correção dos dados por regressão

Na maioria dos testes a regressão apresentou significância a 5%, evidenciando heterogeneidade entre parcelas e/ou blocos de campo, com exceção de peso de cem grãos (PCG), proporção de espigas atacadas por doença (PEAD), proporção de plantas acamadas (PPAC), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), e capacidade de expansão (CE). Entretanto, os modelos ajustados não foram satisfatórios, pois assumindo modelo completo os coeficientes de determinação para, índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos, proporção de espigas atacadas por praga (PEAP), proporção de espigas atacadas por doença, produção (PG) e capacidade de expansão, foram inferiores a 52% (Quadro 5). Para altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), os coeficientes de determinação do modelo completo foram maiores, 62% e 81% respectivamente. Apesar das evidências de heterogeneidade entre parcelas e/ou blocos de campo, optou-se por não corrigir os dados nas análises em delineamento inteiramente casualizado, em razão dos reduzidos coeficientes de determinação.

Quadro 5 – Resumo das análises de variância da regressão e coeficientes de determinação do modelo completo, obtido de 28 observações de altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de plantas acamadas (PPAC), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos (PCG, g), peso de grãos (PG, kg/ha), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD) e capacidade de expansão (CE, mL/g)

FV	GL	QM					
		AP	AE	PPAC	PEME	IP	PCG
Regressão	5	0,2263*	0,1592*	0,0007 ^{n.s.}	0,0009 ^{n.s.}	0,2664*	1,1733 ^{n.s.}
Desvio	22	0,0317	0,0084	0,0010	0,0072	0,0733	1,0583
R²		0,6187	0,8112	0,1374	0,0279	0,4522	0,2013

Quadro 5 - Continuação

FV	GL	QM			
		PG	PEAP	PEAD	CE
Regressão	5	906400,2670*	0,0174*	0,0104 ^{n.s.}	6,7153 ^{n.s.}
Desvio	22	193417,0758	0,0063	0,0054	4,8423
R²		0,5157	0,3832	0,3019	0,2396

* significativo a 5%.

^{n.s.} não significativo a 5%.

4.2. Análises de variância

4.2.1. Análises de variâncias assumindo delineamento inteiramente casualizado

Como as testemunhas não apresentaram variação fenotípica quanto a proporção de plantas quebradas (PPQ), esta característica não foi incluída nas análises.

Os testes nas análises de variância evidenciaram variabilidade genética na população, com nível de significância de 5%, para as características PPAC, produção, PEAP e CE. Ao nível de significância de 10%, encontrou-se diferenças entre as médias das famílias para PEME e PEAD. Portanto, para estas características há possibilidades de progresso genético ao se praticar seleção, pois existe significativa variabilidade genética a ser explorada entre as famílias S₄. Para IP, AP, PCG e AE não ocorreram diferenças significativas entre as famílias e, portanto, não são esperados ganhos ao praticar seleção para estas características (Quadro 6).

Quanto às testemunhas, ocorreram diferenças significativas apenas para IP e produção, aos níveis de probabilidade de 5% e 10%, respectivamente, evidenciando maior prolificidade e capacidade produtiva do IAC 112 (Quadro 6). As testemunhas também apresentaram diferenças significativas a 5% em relação às famílias para IP, produção e CE, evidenciando além de uma maior capacidade produtiva, uma melhor qualidade da pipoca (Quadro 6). Uma menor produtividade para as famílias já era esperada, pois se trata de famílias S₄. Contudo, foram observadas 19 famílias com produtividade superior a 3200 kg/ha e 29 famílias com produtividade superior a 3000 kg/ha. Acima de 3000 kg/ha pode-se considerar uma elevada produtividade para milho-pipoca, até mesmo para um híbrido. O máximo encontrado para famílias foi de 3708,27 kg/ha. As médias das testemunhas foram de 3551,58 kg/ha para o IAC 112 e 3139,26 kg/ha para Zélia. Em relação a CE, a inferioridade da média das famílias, 28,66 mL/g, em relação à das testemunhas, 32,94 mL/g é um resultado absolutamente normal. Vale destacar que a média das famílias é muito boa e que 24 famílias apresentaram CE maior que 33 mL/g, com máximo de 39,33 mL/g, indicando a possibilidade de obtenção de híbridos com ótima qualidade.

Analisando em conjunto produtividade e CE das famílias, pode-se concluir que é possível obter híbridos com elevada CE, superiores em qualidade em relação às testemunhas, que são híbridos comerciais, e superiores até em relação ao milho-pipoca de melhor qualidade encontrado atualmente no mercado brasileiro, cuja CE fica em torno de 35 mL/g (MATTA e VIANA, 2001). A produtividade dos híbridos também deverá ser elevada, pois se foi possível encontrar famílias endogâmicas muito produtivas, pode-se acreditar que será possível obter híbridos, utilizando linhagens derivadas destas famílias, com elevada produtividade. A superioridade de médias de AP e AE das famílias, em relação às testemunhas, é devida, certamente, ao despendoamento das testemunhas.

O coeficiente de variação para a maioria das características foi relativamente baixo, o que demonstra boa precisão experimental. As características que apresentaram elevados coeficientes de variação, PPAP, PPAD, PEME e PPAC, são comumente muito influenciadas pelo ambiente (Quadro 6).

Quadro 6 - Análises de variância assumindo delineamento inteiramente casualizado, com 12 repetições das testemunhas, em relação a altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de plantas acamadas (PPAC), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos (PCG, g), produção (PG, kg/ha), proporção de espigas

atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD) e capacidade de expansão (CE, mL/g) de famílias S₄

FV	GL	QM				
		AP	AE	PPAC	PEME	IP
Famílias	105	0,0887 ^{n.s.}	0,0430 ^{n.s.}	0,0066*	0,0097 [#]	0,0615 ^{n.s.}
Testemunhas	1	0,0267 ^{n.s.}	0,0037 ^{n.s.}	0,0013 ^{n.s.}	0,0016 ^{n.s.}	0,4852*
Fam. vs. Test.	1	2,1042*	0,3108*	0,0076 ^{n.s.}	0,0083 ^{n.s.}	4,3839*
Resíduo	22	0,0699	0,0373	0,0011	0,0058	0,0850
Máximo		2,30	1,40	0,54	0,50	1,30
Média		1,68	0,83	0,03	0,08	0,76
Mínimo		1,00	0,40	0,00	0,00	0,11
Média do IAC 112		1,41	0,72	0,00	0,11	1,40
Média de Zélia		1,32	0,71	0,02	0,10	1,11
CV (%) Geral		16,3	23,9	120,3	86,6	34,3
CV (%) Famílias		15,7	23,3	106,4	90,6	38,2
CV (%) Testemunhas		19,5	27,4	284,8	72,8	23,6

Quadro 6 – Continuação

FV	GL	QM				
		PCG	PG	PEAP	PEAD	CE
Famílias	105	1,0990 ^{n.s.}	366012,8499*	0,0201*	0,0125 [#]	25,4502*
Testemunhas	1	0,3008 ^{n.s.}	661738,1190 [#]	0,0001 ^{n.s.}	0,0013 ^{n.s.}	4,7407 ^{n.s.}
Fam. vs. Test.	1	0,2575 ^{n.s.}	15667656,2163*	0,0025 ^{n.s.}	0,0017 ^{n.s.}	358,8321*
Resíduo	22	1,2724	163189,5079	0,0091	0,0069	5,9630
Máximo		18,14	3708,27	0,64	0,50	39,33
Média		13,00	2465,99	0,16	0,09	28,66
Mínimo		11,35	1088,45	0,00	0,00	11,67
Média do IAC 112		13,04	3551,58	0,14	0,06	32,69
Média de Zélia		13,14	3139,26	0,14	0,08	33,29
CV (%) Geral		8,7	15,3	59,7	93,5	8,3
CV (%) Famílias		8,7	16,4	58,9	91,7	8,5
CV (%) Testemunhas		8,6	12,0	63,3	102,1	7,4

* significativo a 5%.

significativo a 10%.

^{n.s.} não significativo à 10%.

4.2.2. Análises de variância assumindo delineamento em blocos incompletos

Em relação ao teste de igualdade das médias dos blocos, as análises de variância evidenciaram diferenças significativas a 5% para AP e AE e a 10% para IP, produção, PEAP e PEAD. Para PPAC, PEME, PCG e CE, não ocorreram diferenças significativas entre blocos (Quadro 7). Comparando estes resultados com os obtidos nas análises de regressão (Quadro 5), observa-se uma compatibilidade entre as características que apresentaram diferenças significativas entre blocos ao nível de 5% e apresentaram maior determinação dos modelos ajustados, que são AP e AE. Portanto, pode-se afirmar que realmente ocorreu uma maior variação ambiental, pelo menos para as testemunhas, para estas duas características. Para as demais características pode-se concluir que, de maneira geral, ocorreu variação ambiental no experimento, porém esta não teve magnitude muito elevada. É importante notar que para CE, principal característica no processo seletivo, não ocorre significância nem no teste de regressão e nem no teste de igualdade das médias do blocos (Quadros 5 e 7), evidenciando homogeneidade na área experimental. As altas correlações entre as médias ajustadas das famílias, obtidas assumindo delineamento em blocos incompletos e os valores fenotípicos originais, 0,84 e 0,92, para produção e CE, respectivamente, também são indicativos de pouca variação ambiental para estas duas características de maior importância, principalmente CE.

Os testes das análises de variância para famílias evidenciaram variabilidade genética com nível de significância de 5% para AP, AE, PPAC, PCG, produção, PEAP, PEAD e CE. Portanto, há possibilidade de progresso genético ao se praticar seleção com base nestas características. Para PEME e IP não ocorreram diferenças significativas entre as famílias e, portanto, não há possibilidade de progresso genético para estas duas características (Quadro 7).

Quanto às testemunhas, ocorreram diferenças significativas apenas para IP e produção, ao nível de 5% de probabilidade, evidenciando uma maior prolificidade e capacidade produtiva do IAC 112 (Quadro 7). As testemunhas também apresentaram diferenças significativas a 5% em relação às famílias, para produção, CE, IP, AP, AE, PPAC e PCG (Quadro 7). Em média, as

famílias apresentaram CE de 28,62 mL/g, considerado muito bom em termos de qualidade, porém inferior à média das testemunhas, que foi de 32,08 mL/g para o IAC 112 e 33,34 mL/g para Zélia. Porém, foi possível encontrar 24 famílias com CE superior a 33 mL/g, ou seja, com qualidade equivalente ou superior à encontrada nas testemunhas. O máximo em CE obtido para as famílias, 41,21 mL/g, é muito superior à média das testemunhas e ao milho-pipoca comercializado no país, com CE em torno de 35 mL/g (MATTA e VIANA, 2001).

Em relação à produtividade, as famílias apresentaram média de 2474,38 kg/ha, um valor elevado em famílias endogâmicas que perdem vigor pelas autofecundações. Foi possível encontrar 5 famílias que apresentaram produtividade superior à média do híbrido simples IAC 112, que foi de 3533,10 kg/ha, e 22 famílias superiores à média do híbrido triplo Zélia, que foi de 3149,04 kg/ha. A produtividade máxima para famílias foi de 3807,95 kg/ha, sendo que existem 29 famílias com produtividade acima de 3000 kg/ha, considerada ótima, mesmo se fosse referente a um híbrido de milho-pipoca.

O coeficiente de variação para AP, AE, IP, PCG, produção e CE, foram baixos, o que demonstra uma boa precisão experimental (Quadro 7). Para PPAC, PEME, PEAP e PEAD, os valores foram mais elevados, pois em geral estas características apresentam maior variação experimental. Os coeficientes de variação, assumindo delineamento em blocos incompletos, apresentaram valores bem próximos aos encontrados quando assumido delineamento inteiramente casualizado, porém, este último apresentou valores maiores, o que sugere uma maior precisão experimental assumindo delineamento em blocos incompletos.

Quadro 7 - Análises de variância assumindo delineamento em blocos incompletos, com 13 blocos onde foram descartadas duas testemunhas não comuns, em relação a altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de plantas acamadas (PPAC), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos (PCG, g), produção de grãos

(PG, kg/ha), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD) e capacidade de expansão (CE, mL/g) de famílias S₄

FV	GL	QM				
		AP	AE	PPAC	PEME	IP
Blocos (Aj)	12	0,1144*	0,0652*	0,0014 ^{n.s.}	0,0057 ^{n.s.}	0,1209 [#]
Famílias (Aj)	105	0,0724*	0,0367*	0,0059*	0,0084 ^{n.s.}	0,0578 ^{n.s.}
Testemunhas	1	0,0410 ^{n.s.}	0,0001 ^{n.s.}	0,0003 ^{n.s.}	0,0036 ^{n.s.}	0,5536*
Fam. vs. Test. (Aj)	1	1,5134*	0,1584*	0,0078*	0,0088 ^{n.s.}	4,7538*
Resíduo	10	0,0165	0,0039	0,0009	0,0057	0,0421
Máximo		2,28	1,29	0,55	0,37	1,35
Média		1,64	0,80	0,03	0,09	0,74
Mínimo		0,98	0,31	0,00	0,00	0,00
Média do IAC 112		1,40	0,71	0,01	0,12	1,40
Média de Zélia		1,31	0,72	0,02	0,09	1,09
CV (%) Geral		7,9	7,7	109,2	85,3	24,2
CV (%) Famílias		7,8	7,8	91,6	87,8	27,9
CV (%) Testemunhas		9,5	8,8	253,9	71,0	16,6

Quadro 7 - Continuação

FV	GL	QM				
		PCG	PG	PEAP	PEAD	CE
Blocos (Aj)	12	1,6929 ^{n.s.}	230934,4516 [#]	0,0124 [#]	0,0095 [#]	6,9133 ^{n.s.}
Famílias (Aj)	105	5,9771*	252447,5007*	0,0187*	0,0107*	24,8507*
Testemunhas	1	0,0745 ^{n.s.}	811261,4598*	0,0006 ^{n.s.}	0,0020 ^{n.s.}	8,7823 ^{n.s.}
Fam. vs. Test. (Aj)	1	12,3693*	13352771,1445*	0,0037 ^{n.s.}	0,0030 ^{n.s.}	390,4317*
Resíduo	10	0,7690	81895,0445	0,0054	0,0034	4,8103
Máximo		17,05	3807,95	0,68	0,57	41,21
Média		12,49	2474,38	0,16	0,09	28,62
Mínimo		0,00	953,73	0,00	0,00	11,26
Média do IAC 112		13,32	3533,10	0,14	0,07	32,08
Média de Zélia		13,20	3149,04	0,15	0,09	33,34
CV (%) Geral		6,9	10,9	45,9	65,3	7,4
CV (%) Famílias		7,0	11,6	45,7	63,7	7,7
CV (%) Testemunhas		6,7	8,5	48,5	71,4	6,7

* significativo a 5%.

significativo a 10%.

^{n.s.} não significativo à 10%.

4.3. Estimativas de parâmetros genéticos

4.3.1. Variâncias genotípicas entre famílias e herdabilidades ao nível de família, assumindo delineamento inteiramente casualizado

As estimativas de parâmetros genéticos só são válidas para a população da qual o material experimental constitui algum tipo de amostra e para as condições em que o estudo foi conduzido.

Não foi encontrada variância genotípica entre famílias para AP, AE, IP e PCG. As herdabilidades são baixas para AP e AE, intermediárias para PEME, produção, PEAP e PEAD, e altas para PPAC e CE (Quadro 8). Pode-se esperar eficiência no processo seletivo para as duas características de maior importância, CE e produção, que apresentaram herdabilidades de 76,6% e 54,6%, respectivamente.

As variâncias genotípicas estimadas por VILARINHO (2001), em trabalho anterior com famílias S_1 da mesma população, foram, 12,8 para CE e 133595,0 para produção. Portanto, variâncias menores do que as encontradas neste trabalho (Quadro 8). Porém, as variâncias residuais estimadas para estas duas características foram um pouco maiores que as estimadas para famílias S_4 . Em razão disto, obteve herdabilidades mais baixas, 35,6% para produção e 59,7% para CE. Com famílias S_2 da mesma população, SANTOS (2002) estimou variâncias genotípicas maiores para CE e produção, 45 e 236358, respectivamente. Como a variância residual para CE foi maior que a encontrada neste trabalho, a herdabilidade em CE foi menor, 74%. Em relação a produção, a estimativa da variância residual foi menor e, portanto, a herdabilidade estimada para famílias S_2 foi um pouco maior, 56,9%. Trabalhando com famílias S_3 da mesma população, CÂMARA (2002) estimou variâncias genotípicas de 18,6 e 71660,9 para CE e produção. Estas estimativas também são inferiores às encontradas neste trabalho. Como a variância residual estimada por Câmara foi menor, foi possível estimar herdabilidades mais elevadas para as duas características, 68,8% para produção e 81,9% para CE.

Quadro 8 - Estimativas da variância genotípica entre médias de famílias S_4 ($\hat{\sigma}_{GeF}^2$) e herdabilidade em sentido amplo (h^2), ao nível de média de progênie, em relação a altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de plantas acamadas (PPAC), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos (PCG, g), produção de grãos (PG, kg/ha), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD) e capacidade de expansão (CE mL/g)

Característica	$\hat{\sigma}_{GeF}^2$	$h^2(\%)$
AP	0,0188	21,2
AE	0,0057	13,2
PPAC	0,0055	83,0
PEME	0,0039	40,2
IP	0	-
PCG	0	-
PG	202823,3420	55,4
PEAP	0,0110	54,6
PEAD	0,0056	45,0
CE	19,4872	76,6

4.3.2. Variâncias genotípicas entre famílias e herdabilidades ao nível de família, assumindo delineamento em blocos incompletos

Assumindo delineamento em blocos incompletos, pôde-se encontrar variância genotípica em quase todas as características. As exceções foram PEME e IP. Para AP, AE, PPAC, PCG, produção, PEAP PEAD e CE, as herdabilidades foram acima de 67,6% e, portanto, consideradas altas (Quadro 9). Para AE foi encontrada a herdabilidade mais alta, 89,5%. Em CE a herdabilidade foi de 80,7% e em produção de 67,7%. Em relação a estas características o processo seletivo deve ser eficiente.

Quadro 9- Estimativas da variância genotípica entre médias de famílias S_4 ($\hat{\sigma}_{GeF}^2$) e herdabilidade em sentido amplo (h^2), ao nível de média de progênie, em relação a altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de plantas acamadas (PPAC), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos (PCG, g), produção de grãos (PG, kg/ha), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD) e capacidade de expansão (CE mL/g)

Característica	$\hat{\sigma}_{GeF}^2$	$h^2(\%)$
AP	0,0560	77,2
AE	0,0328	89,5
PPAC	0,0050	84,0
PEME	0,0028	32,7
IP	0,0162	27,8
PCG	5,2060	87,1
PG	171976,5416	67,7
PEAP	0,0133	71,1
PEAD	0,0074	68,7
CE	20,0804	80,7

Nas características de maior importância no processo de seleção, produção e CE, espera-se maior eficiência de seleção quando assumido delineamento em blocos incompletos, em comparação com o delineamento inteiramente casualizado. Em CE as herdabilidades foram de 76,6%, quando assumido delineamento inteiramente casualizado, e 80,7% quando assumido delineamento em blocos incompletos. Em produção as herdabilidades foram de 55,4%, quando assumido delineamento inteiramente casualizado, e 67,7% quando assumido delineamento em blocos incompletos. As maiores herdabilidades assumindo delineamento em blocos incompletos devem-se provavelmente ao controle local que este delineamento considera e, portanto, seus resultados expressam maior confiança.

4.3.3. Correlações genóticas assumindo delineamento inteiramente casualizado

A análise das correlações genóticas é de grande importância num processo de seleção onde se deseja obter ganhos para duas ou mais características. No caso do milho-pipoca, a CE é a característica de maior importância no processo de seleção. Porém, sempre que possível, deve-se também obter ganhos em produtividade, sendo esta a segunda característica de maior importância. Ganhos indiretos em outras características, como resistência a doenças e ao acamamento, entre outras, também devem ser obtidos quando as correlações genóticas entre estas características e CE forem favoráveis. No caso de correlação genotípica negativa ou correlação genotípica positiva, porém baixa, entre CE e produção, pode-se utilizar índices de seleção, desde que não se obtenha ganhos em CE muito inferiores aos ganhos obtidos com seleção direta em CE, que é o ganho máximo. Felizmente a correlação entre CE e produção foi positiva (0,36), indicando que em um processo de seleção direta com base em CE, pode-se obter ganhos indiretos em produtividade. Entretanto, pode-se obter melhores resultados em produtividade com o uso de índice, desde que o ganho em CE fique em torno de 90% do ganho máximo.

Com relação ao acamamento, o que se verificou em termos de correlação genotípica, foi que, famílias com espigas mais altas tenderam a apresentar maior proporção de plantas acamadas (Quadro 10). Apesar de não ter sido detectada variabilidade genotípica, a maior correlação foi entre alturas de planta e espiga, sendo este resultado já esperado, pois genes que determinam uma maior altura de planta também determinam uma maior altura de espiga (Quadro 10). As correlações genóticas entre AP e PEAP e entre AE e PEAP também foram elevadas, 0,63 e 0,93, respectivamente, indicando que as famílias de maior estatura e, principalmente, com inserção de espiga mais elevada, são mais atacadas por pragas. A correlação entre PEAP e PEME foi 0,39.

As correlações genótípicas de PEAP e PEAD com produção foram de – 0,16 e –0,15 respectivamente, demonstrando que famílias em que as espigas foram mais atacadas por pragas e doenças, a produtividade, em geral, foi menor. As correlações genótípicas de AP e AE com produção foram ambas – 0,46, sugerindo que as famílias mais baixas são as mais produtivas.

Quadro 10 - Correlações genótípicas entre os caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de plantas acamadas (PPAC), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos (PCG, g), produção de grãos (PG, kg/ha) proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD) e capacidade de expansão (CE, mL/g), medidas em famílias S₄

Caráter	AP	AE	PPAC	PEME	IP	PCG	PG	PEAP	PEAD	CE
AP	1,00	0,92	-0,04	-1,00	-	-	-0,46	0,63	0,21	-0,33
AE		1,00	0,26	-1,00	-	-	-0,46	0,93	0,16	-0,30
PPAC			1,00	0,26	-	-	0,16	0,26	0,26	0,05
PEME				1,00	-	-	-0,32	0,39	0,66	-0,38
IP					1,00	-	-	-	-	-
PCG						1,00	-	-	-	-
PG							1,00	-0,16	-0,15	0,36
PEAP								1,00	0,55	0,11
PEAD									1,00	-0,07
CE										1,00

As correlações genótípicas de AP e AE com CE foram –0,33 e –0,30 respectivamente, sugerindo que as famílias mais baixas também são de melhor qualidade. Estes resultados sugerem que a seleção direta em CE ou a seleção com base em índice com CE e produção, devem selecionar indiretamente plantas mais baixas, o que é uma característica desejável, pois plantas de porte mais baixo geralmente podem suportar maiores populações em uma mesma área. Com seleção direta em CE ou com base em índice, pode-se esperar,

também, diminuição nas médias de PEME e PEAD, sendo que esta alteração é desejável. É importante notar que a correlação entre PEME e PEAD foi alta (0,66). Portanto, famílias com espigas mal empalhadas tendem a ser mais atacadas por doenças, o que pode danificar os grãos e, em última análise, diminuir a CE. Pode-se notar que existe correlação negativa, porém de magnitude baixa (-0,07), entre CE e PEAD.

4.3.4. Correlações genóticas assumindo delineamento em blocos incompletos

A correlação genotípica entre produção e CE foi positiva (0,42), certamente uma consequência de processos seletivos anteriores, realizados por VILARINHO (2001), SANTOS (2002) e CÂMARA (2002). Portanto, espera-se obter ganhos indiretos em produtividade com seleção direta em CE. Maiores ganhos em produtividade também são esperados com seleção para CE e produção por meio de índice. O valor estimado de correlação genotípica entre CE e produção, neste delineamento, prevê uma maior eficiência da seleção indireta em produção, em relação ao delineamento inteiramente casualizado.

Com relação ao acamamento, o que se verificou em termos de correlação genotípica foi que, famílias com espigas mais altas tendem a apresentar maior proporção de plantas acamadas (Quadro 11). Entre IP e AP a correlação foi 1,00 e entre AP e produção a correlação foi de 0,46. A correlação entre IP e CE foi de 0,62. Com isso, espera-se aumento do IP e da produtividade das famílias com seleção direta em CE.

A correlação genotípica entre AP e CE foi de -0,10 e entre AE e CE de -0,12. Então, a seleção com base em índice não deve causar alteração significativa nas médias de altura de planta e espiga, pois a correlação entre produção e AP foi de 0,46 e entre produção e AE foi de 0,36. A AE teve correlação próxima de um com AP, sendo que estas duas características possuem correlações muito parecidas em relação às demais características, em

geral. A seleção direta em CE deve alterar um pouco as médias de AE e AP, sendo esperada diminuição das alturas de planta e espiga.

Com seleção direta em CE, com o uso do índice e com seleção direta em produção, espera-se que ocorra, também, alteração na média de PEAD. As correlações de CE e produção com esta característica foram negativas (Quadro 11) e, portanto, deve-se esperar uma diminuição nas médias de PEAD.

Quadro 11 - Correlações genotípicas entre os caracteres altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de plantas acamadas (PPAC), proporção de espigas mal empalhadas (PEME), índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos (PCG, g), produção de grãos (PG, kg/ha) proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD) e capacidade de expansão (CE, mL/g), medidas em famílias S₄

Caráter	AP	AE	PPAC	PEME	IP	PCG	PG	PEAP	PEAD	CE
AP	1,00	0,96	0,05	-0,43	1,00	-0,13	0,46	0,13	-0,04	-0,10
AE		1,00	0,23	-0,20	0,83	-0,05	0,36	0,15	0,03	-0,12
PPAC			1,00	0,57	-0,04	0,06	0,08	0,21	0,14	-0,03
PEME				1,00	-0,63	-0,44	-0,37	0,20	1,00	-0,29
IP					1,00	0,52	0,05	-0,10	-0,32	0,62
PCG						1,00	0,06	-0,04	0,02	0,06
PG							1,00	-0,27	-0,10	0,42
PEAP								1,00	0,70	0,01
PEAD									1,00	-0,23
CE										1,00

4.3.5. Variâncias genotípicas, herdabilidades e correlações, usando os dados de plantas autofecundadas

As variâncias genotípicas entre, para CE e produção, foram menores que as variâncias genotípicas dentro (Quadro 12). Este resultado não é esperado na ausência de seleção. Portanto, espera-se que os ganhos genéticos com seleção dentro tenham grande importância em relação aos ganhos genéticos totais. Para produção, pode-se acreditar que a variância genética foi superestimada, pois o híbrido expressa variação ambiental inferior à expressada por famílias endogâmicas. Devido ao maior vigor o híbrido é mais tolerante a intempéries ambientais. Contudo, a CE é pouco afetada pelo vigor e pela heterose, o que torna a variância ambiental expressa pelo híbrido muito próxima da variância ambiental expressa pelas famílias endogâmicas.

As herdabilidades em sentido amplo em nível de planta dentro de família foram satisfatórias, sendo que para CE o valor é elevado (0,65) e para produção é razoável (0,31). Estes valores são menores que os encontrados entre famílias. Com estas herdabilidades, espera-se maior eficiência no processo seletivo para CE.

A correlação genotípica dentro de famílias para produção e CE foi positiva, porém um pouco inferior à encontrada entre famílias (Quadros 10, 11 e 12).

Quadro 12 - Variâncias, herdabilidades e correlação genotípica ao nível de planta dentro de família, em relação aos caracteres produção (g) e capacidade de expansão (CE, mL/g)

	PRODUÇÃO	CE
VAR. FENOTÍPICA DENTRO	149,7635	45,6252
VAR. RESIDUAL DENTRO	102,7998	16,0714
VAR. GENOTÍPICA DENTRO	46,9637	29,5537
VAR. FENOTÍPICA ENTRE	137,3480	29,9996
VAR. RESIDUAL ENTRE	101,9536	7,5214
VAR. GENOTÍPICA ENTRE	35,3944	22,4783
HERDABILIDADE (%)	31,4	64,8
CORRELAÇÃO	0,33	

4.4. Seleção e ganhos genéticos preditos

4.4.1. Seleção entre

Para a predição de ganhos genéticos entre foram utilizadas as estimativas dos parâmetros e das médias obtidos quando assumido delineamento em blocos incompletos. Optou-se por utilizar estes dados, devido ao controle local considerado neste delineamento.

Considerando, apenas como um referencial, seleção de 35 famílias com base em produção, visando a obtenção de linhagens, obteve-se um ganho predito máximo de 522,25 kg/ha. Como a correlação entre produção e CE foi positiva (0,46), espera-se ganho predito indireto em CE de 1,06 mL/g. Obteve-se, também, ganhos preditos indiretos de 15 cm e 14 cm para AP e AE, respectivamente. Para as demais características, as alterações são insignificantes.

Com o uso do índice, obteve-se um ganho em produção de 518,28 kg/ha, correspondendo a 99,2% do ganho máximo em produção. Já em CE, o ganho foi de 1,85 mL/g, correspondendo a apenas 38,8% do ganho máximo em CE (Quadro 13). Portanto, a estratégia de seleção com o uso do índice, não apresentou os resultados favoráveis, encontrados nos trabalhos de CÂMARA (2002), SANTOS (2002) e VILARINHO (2001).

Analisando as três estratégias de seleção, concluiu-se que a melhor estratégia foi seleção direta em CE, com ganho genético predito de 4,76 mL/g. O ganho predito indireto em produção foi de 165,16 kg/ha, correspondendo a 31,6% do ganho predito máximo. Espera-se redução insignificante das médias de PEAD (Quadro 13). Para as demais características, espera-se que ocorrem apenas alterações irrelevantes nas médias das famílias S_5 .

Quadro 13 - Ganhos preditos com seleção de 35 famílias S₄, visando a obtenção de famílias S₅ superiores, referentes a várias estratégias de seleção^{1/}, em relação à altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de plantas acamadas (PPAC), proporção de espigas mal empalhadas (PEME) índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos (PCG, g), produção de grãos (PG, kg/ha), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD) e capacidade de expansão (CE, mL/g)

Caráter	SDCE	SDPG	SM&M
AP	0,05	0,15	0,15
AE	0,03	0,14	0,12
PPAC	-0,00	0,01	0,01
PEME	0,01	-0,00	-0,00
IP	0,02	0,04	0,05
PCG	0,07	-0,26	-0,38
PG	165,16	522,25	518,28
PEAP	0,00	-0,02	-0,03
PEAD	-0,01	-0,02	-0,03
CE	4,76	1,06	1,85

^{1/}SDCE- seleção direta para capacidade de expansão.

SDPG - seleção direta para produção.

SM&M - seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com peso 3 para CE e 1 para produção.

Os ganhos genéticos preditos no caso de seleção de 35 famílias para melhoramento populacional, são a metade dos ganhos genéticos preditos com seleção visando obtenção de linhagens (Quadro 13). As médias de produção e CE da população Beija-Flor melhorada, devem subir de 2474,4 para 2557,0 kg/ha e de 28,6 para 31,0 mL/g. Para produção, no entanto, pode-se esperar ganhos realizados de maior magnitude, pois ocorre uma recuperação do vigor perdido pelas autofecundações.

Com seleção de 70 famílias, também visando a obtenção de linhagens, os ganhos genéticos preditos em produtividade e CE foram inferiores aos

ganhos genéticos preditos com seleção de 35 famílias, devido à menor intensidade de seleção.

A seleção de 70 famílias com base em produção proporcionou um ganho predito máximo de 257,76 kg/ha. Como a correlação genotípica entre produção e CE foi positiva (0,46), obteve-se ganho genético predito indireto de 0,59 mL/g em CE. Obtiveram-se, também, ganhos preditos indiretos de 7 cm e 5 cm para AP e AE, respectivamente. Para as demais características as alterações são insignificantes.

Com o uso do índice, obteve-se um ganho genético predito em produção de 255,96 kg/ha, correspondendo a 99,3% do ganho máximo. Já em CE, o ganho genético predito foi de 0,96 mL/g, correspondendo a apenas 37,3% do ganho máximo (Quadro 14). Portanto, a estratégia de seleção com o uso do índice, semelhantemente ao que ocorreu com seleção de 35 famílias S₄, não apresentou resultados favoráveis. Porém, se fosse analisado outros pesos, certamente poderia-se encontrar os resultados desejáveis com o uso do índice.

Analisando as três estratégias de seleção de 70 famílias, concluiu-se que a melhor estratégia foi seleção direta em CE, com ganho genético predito de 2,57 mL/g. O ganho predito indireto em produção foi de 68,30 kg/ha, correspondendo a 26,5% do ganho máximo. Quanto às características PEAP e PEAD, espera-se redução nas médias, apesar da magnitude irrelevante (Quadro 14). Para as demais características, espera-se também alterações irrelevantes.

Pode-se observar que a média de CE com seleção de 70 famílias (31,74 mL/g) não foi muito inferior à média com seleção de 35 famílias (34,53 mL/g). Para produção a diferença foi de 143,38 kg/ha (Quadro 15).

Quadro 14 - Ganhos preditos com seleção de 70 famílias S₄, visando a obtenção de famílias S₅ superiores, referentes a várias estratégias de seleção^{1/}, em relação à altura de planta (AP, m), altura de espiga (AE, m), proporção de plantas acamadas (PPAC), proporção de espigas mal empalhadas (PEME) índice de prolificidade (IP), peso de cem grãos (PCG, g), produção (PG, kg/ha), proporção de espigas atacadas por pragas (PEAP), proporção de espigas atacadas por doenças (PEAD) e capacidade de expansão (CE, mL/g)

Caráter	SDCE	SDPG	SM&M
AP	0,01	0,07	0,08
AE	0,00	0,05	0,06
PPAC	-0,00	-0,00	-0,00
PEME	-0,00	0,00	-0,00
IP	0,01	0,02	0,02
PCG	0,14	-0,13	-0,15
PG	68,30	257,76	255,96
PEAP	-0,01	-0,01	-0,01
PEAD	-0,01	-0,01	-0,01
CE	2,57	0,59	0,96

^{1/}SDCE- seleção direta para capacidade de expansão.

SDPG - seleção direta para produção.

SM&M - seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com peso 3 para CE e 1 para produção.

As famílias S₄ selecionadas em CE, visando melhoramento populacional e obtenção de linhagens superiores, com suas genealogias, produtividades e capacidade de expansão estão apresentadas no Quadro 15.

Quadro 15 - Origem e médias de produção (kg/ha) e CE (mL/g) de 35 famílias selecionadas pela capacidade de expansão, para melhoramento populacional e de 70 famílias selecionadas pela capacidade de expansão, para extração de linhagens

Origem	Produção	CE
01-461-1	3722,16	41,21
01-359-3	2785,85	39,74
00-647-1	2510,16	39,04
01-443-3	2478,65	37,68
00-542-1	2828,31	37,26
00-631-3	3268,46	36,71
00-683-1	2043,06	36,36
01-273-2	2273,21	36,04
00-520-3	1899,75	35,74
01-460-1	2655,40	35,56
01-362-4	2460,70	35,06
01-445-1	3294,30	35,01
01-244-2	3169,51	35,01
00-631-1	2015,53	34,86
00-531-4	1930,50	34,56
00-684-4	3029,20	34,56
00-506-3	2221,59	34,34
00-531-3	3807,95	34,21
00-656-1	3703,89	33,91
01-332-2	1973,94	33,56
00-529-2	2879,12	33,34
01-463-4	2970,75	33,34
01-425-1	2263,47	33,26
00-648-2	2863,96	33,01
00-505-2	2400,85	32,91
00-610-2	3372,62	32,68
01-307-2	2678,60	32,68
01-242-2	2495,52	32,66
00-614-3	2839,22	32,26
00-544-1	3399,00	32,08
01-346-3	3469,92	32,08
00-621-1	1959,43	32,06
00-619-2	3654,84	32,06

01-298-1	1290,69	31,86
01-412-2	2549,91	31,74
00-668-2	3323,52	31,68
00-561-2	3449,70	31,56
01-339-2	3055,95	31,06
01-265-3	1825,61	30,86
00-667-1	1669,67	30,86
01-346-2	3005,70	30,66
00-684-1	3488,99	30,56
00-619-1	3350,05	30,38
00-645-2	2079,82	30,26
01-263-2	1665,36	29,86
01-317-2	1941,57	29,76
01-469-3	2035,68	29,56
00-585-1	3231,61	29,56
00-695-1	1927,94	29,26
01-303-3	2708,82	29,21
00-500-2	2172,36	29,16
00-657-1	3250,46	29,06
00-639-5	3612,86	28,91
01-260-4	1914,76	28,86
00-681-1	1455,97	28,86
00-631-2	1917,42	28,86
01-332-3	2829,46	28,71
01-313-1	2174,37	28,68
00-708-1	1845,10	28,56
01-315-4	3154,54	28,08
00-582-2	1322,77	28,06
01-463-1	2411,67	27,86
00-680-1	2313,16	27,76
01-273-3	1331,41	27,76
00-678-2	2822,62	27,56
01-318-3	2092,64	27,56
01-351-2	2175,54	27,56
00-561-1	2234,63	27,16
00-611-1	2653,62	27,06
01-285-1	2678,43	26,86

Média das 70 famílias	2575,48	31,74
Média das 35 famílias	2718,86	34,53

4.4.2. Seleção dentro

Na seleção dentro de famílias foram usadas as mesmas estratégias de seleção entre famílias. Como esperado, em geral encontraram-se ganhos genéticos preditos maiores com seleção dentro de 70 famílias, em relação aos ganhos genéticos preditos dentro de 35 famílias. Também foi possível encontrar variabilidade dentro em ambos os casos, o que proporcionou ganhos genéticos preditos satisfatórios, principalmente em CE, com ganho genético máximo de 3,8 mL/g.

Com seleção dentro de 35 famílias, com seleção direta em produção, obteve-se um ganho predito máximo para esta característica de 180,4 kg/ha e um ganho genético predito indireto em CE de 1,0 mL/g, que é devido à correlação genotípica positiva (0,33) entre estas duas características. Com a estratégia de seleção direta em CE obteve-se ganho genético predito máximo de 2,5 mL/g. Em produtividade o ganho genético indireto foi de 83 kg/ha. Utilizando o índice obteve-se os resultados mais favoráveis, com ganho genético predito em CE de 2,4 mL/g, que corresponde a 96% do ganho máximo em CE. O ganho em produtividade foi de 106 kg/ha, correspondendo a 58,8% do ganho máximo. Apesar do ganho genético predito em produtividade ser superior ao ganho genético indireto predito com seleção direta em CE, a diferença é pequena (23 kg/ha), o que torna as duas estratégias praticamente equivalentes em termos de eficiência.

Com seleção dentro de 70 famílias com base em produção, obteve-se ganho genético máximo de 235,7 kg/ha e um ganho em CE de 1,5 mL/g, ganhos genéticos preditos superiores aos encontrados com seleção dentro de 35 famílias. Com seleção com base em CE, obteve-se ganho genético predito máximo de 3,8 mL/g. Em produtividade o ganho genético indireto foi de 59,4 kg/ha. Neste caso, apenas em CE obteve-se ganho genético predito superior aos encontrados com seleção dentro de 35 famílias. No entanto, o ganho

genético predito em produtividade foi obtido como ganho indireto com seleção em CE e, portanto, depende da correlação genotípica entre estas duas características. Utilizando o índice, obteve-se novamente os resultados mais favoráveis, com ganho genético predito em CE de 3,6 mL/g, que corresponde a 94,7% do ganho máximo, e ganho em produtividade de 100 kg/ha, correspondendo a 42,4% do ganho máximo. Neste caso, foi possível obter ganhos genéticos em CE, superiores aos encontrados com seleção de 35 famílias com base em CE. Porém, para produção a diferença foi irrelevante (6 kg/ha) (Quadro 16). Apesar do ganho genético predito em produtividade apresentar superioridade em relação ao ganho genético indireto predito para esta característica, com seleção direta em CE, a diferença é pequena (40,6 kg/ha), o que torna as duas estratégias praticamente equivalentes em termos de eficiência.

A diferença entre os ganhos genéticos preditos indiretos para produção, com o uso do índice e com base em CE é irrelevante (Quadro 16). Portanto, a seleção dentro de famílias por meio do índice de Mulamba e Mock não pode ser considerada uma estratégia significativamente superior em promover ganhos para produção, quando comparada à seleção com base em CE.

Quadro 16 – Ganhos genéticos preditos com seleção dentro (GSd) de 35 e 70 famílias para produção (PG, kg/ha) e CE (mL/g), utilizando várias estratégias de seleção^{1/}

	SM&M		SDCE ^{1/}		SDPG	
	PG	CE	PG	CE	PG	CE
GSd 35	106,0	2,4	83,0	2,5	180,4	1,0
GSd 70	100,0	3,6	59,4	3,8	235,7	1,5

^{1/} SDCE- seleção direta para capacidade de expansão.

SDPG - seleção direta para produção.

SM&M - seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com peso 3 para CE e 1 para PG.

As plantas selecionadas pelo índice, dentro de 35 famílias (Quadro 17), não são as de melhor desempenho em termos de ganho genético predito dentro

para CE (Quadro 16). Porém, computando os ganhos dentro com os ganhos entre, concluiu-se que a melhor estratégia para promover os ganhos genéticos desejados foi seleção de 35 famílias com base em CE e seleção dentro destas com uso do índice (Quadro 18). Neste caso, pôde-se observar a importância da seleção dentro de famílias S_4 , que contribuiu com 39,1% e 33,3% dos ganhos totais em produção e CE, respectivamente. Os ganhos dentro de 35 famílias, ficaram em torno de um terço dos ganhos totais para produção e CE, quando utilizadas as estratégias de seleção com base em CE e seleção com uso do índice. Quando utilizada a estratégia de seleção com base em produção, os ganhos entre e dentro de 35 famílias se equivalem para produção. Quando analisados o percentual dos ganhos dentro de 70 famílias (Quadro 18), verifica-se, como esperado, uma maior importância destes em relação ao ganho total. Contudo, pode-se concluir que é de grande importância praticar seleção dentro de famílias S_4 , para maximizar ganhos genéticos preditos. Pode-se concluir, também, que quanto menor a intensidade de seleção entre, maior é a contribuição dos ganhos dentro.

Pode-se observar que entre as plantas selecionadas com o uso do índice, dentro das 35 famílias selecionadas em CE (Quadro 17), encontram-se plantas com CE menor que 28 mL/g, abaixo da média das famílias S_4 . Isso ocorre devido ao número reduzido de plantas autofecundadas para fazer seleção dentro. Para algumas famílias só havia uma planta para ser selecionada, mesmo sem apresentar um bom desempenho em CE. Apesar disso, a média das plantas selecionadas é de 33,13 mL/g, considerada ótima. No entanto, pode-se encontrar plantas com CE superior a 40 mL/g, que é um desempenho excepcional em termos de qualidade comercial de milho-pipoca.

Quadro 17 -Origem e médias de produção (kg/ha) e CE (mL/g) de 70 plantas S₄ selecionadas com o uso do índice, dentro de 35 famílias selecionadas em CE

Origem	Produção	CE
02-437-1	34,80	34,00
02-437-2	51,30	34,00
02-438-2	48,80	39,00
02-438-3	66,70	32,00
02-438-4	26,80	35,00
02-439-1	17,40	37,00
02-439-3	39,80	30,00
02-440-1	53,70	33,00
02-440-4	57,00	29,00
02-442-1	34,50	31,00
02-442-3	36,10	35,00
02-444-2	45,90	26,00
02-444-6	10,90	30,00
02-445-1	57,40	39,00
02-445-2	43,50	40,00
02-445-3	25,80	46,00
02-446-1	53,60	40,00
02-446-2	49,10	31,00
02-446-4	44,30	36,00
02-474-1	21,60	32,00
02-474-3	32,30	38,00
02-474-4	23,10	34,00
02-475-1	65,60	25,00
02-475-2	32,40	35,00
02-477-1	25,50	33,00
02-477-2	18,21	22,00
02-489-1	16,60	35,00
02-501-1	41,90	30,00
02-501-3	40,20	33,00
02-504-2	36,00	34,00
02-504-3	41,00	40,00
02-512-1	46,60	30,00
02-512-2	61,30	36,00
02-512-4	31,10	39,00

02-515-1	19,10	36,00
02-515-3	28,70	36,00
02-515-4	28,50	35,00
02-533-1	30,00	37,00
02-533-2	14,50	23,00
02-539-1	41,90	35,00
02-539-2	18,00	25,00
02-540-1	28,80	18,00
02-540-2	20,00	12,00
02-542-1	27,20	38,00
02-542-2	40,60	35,00
02-542-3	57,20	34,00
02-542-5	48,40	35,00
02-554-1	31,40	37,00
02-554-3	32,90	33,00
02-561-1	38,30	28,00
02-561-3	18,20	25,00
02-565-1	32,50	37,00
02-565-3	27,90	34,00
02-572-1	23,30	40,00
02-572-2	27,00	37,00
02-573-4	46,50	49,00
02-573-5	78,30	33,00
02-574-1	12,40	30,00
02-574-2	42,90	40,00
02-576-1	40,10	34,00
02-576-3	41,40	35,00
02-581-1	15,90	29,00
02-581-2	25,00	33,00
02-582-1	70,40	30,00
02-582-3	54,40	38,00
02-586-3	52,20	40,00
02-586-4	39,00	28,00
02-587-1	27,40	35,00
02-592-1	60,20	9,00
02-592-3	30,00	33,00

Média	37,16	33,13
--------------	-------	-------

4.4.3. Ganhos totais

Pôde-se observar que o maior ganho predito total em CE foi com seleção direta em CE dentro de 35 famílias (Quadro 18). O ganho genético total em CE com uso do índice para seleção dentro de 35 famílias foi de 98,6% do ganho total máximo. O maior ganho total em produção foi com seleção direta em produção dentro de 35 famílias (Quadro 18). O ganho total em produção com uso do índice para seleção dentro de 35 famílias foi de 78,5% do ganho total máximo.

Analisando estes dados, conclui-se que a estratégia que proporcionou maiores ganhos totais, para as duas características, sem prejudicar o ganho total máximo em CE e maximizando satisfatoriamente os ganhos em produção, foi seleção de 35 famílias em CE, com seleção de 70 plantas dentro destas com uso do índice (Quadro 18). Obteve-se com esta estratégia ganhos preditos totais de 271,2 kg/ha para produção e 7,2 mL/g para CE. Com estes ganhos, pode-se esperar elevações de 2474,4 para 2745,6 kg/ha e de 28,6 para 35,8 mL/g, ou seja, qualidade de milho-pipoca muito superior à encontrada nas testemunhas, que são híbridos comerciais. Quanto à produtividade, ocorrem grandes perdas devido ao processo de endogamia e, portanto, não é o momento de julgar as famílias em relação à produção.

Com seleção em CE dentro de 35 famílias, o ganho predito total em produtividade foi de 248,1 kg/ha, ou seja, apenas 23,1 kg/ha inferior ao ganho predito total com o uso do índice. Portanto, pode-se considerar que o uso do índice praticamente não traz grandes benefícios em termos de ganhos em produtividade, em comparação com seleção direta em CE, quando a correlação genotípica entre as duas características for elevada.

Quadro 18 – Ganhos genéticos preditos entre (GSeF), com seleção direta em CE, ganhos genéticos preditos dentro (GSdF), utilizando várias estratégias de seleção^{1/} e ganho genético total (GST), para produção (PG, kg/ha) e CE (mL/g), com seleção de 70 plantas dentro de 35 e 70 famílias S₄

	SM&M				SDCE ^{1/}				SDPG			
	PG	%	CE	%	PG	%	CE	%	PG	%	CE	%
GSeF	165,2	60,9	4,8	66,7	165,2	66,6	4,8	65,8	165,2	47,8	4,8	84,2
GSdF 35	106,0	39,1	2,4	33,3	83,0	33,4	2,5	34,2	180,4	52,2	1,0	15,8
GST	271,2	100	7,2	100	248,1	100	7,3	100	345,6	100	5,7	100
GSeF	68,3	40,6	2,6	42,6	68,3	65,5	2,6	40,6	68,3	22,5	2,6	63,4
GSdF 70	99,9	59,4	3,6	57,4	59,4	34,5	3,8	59,4	235,7	77,5	1,5	36,6
GST	168,2	100	6,1	100	127,7	100	6,4	100	304,0	100	4,1	100

^{1/} SDCE - seleção direta para capacidade de expansão.

SDPG - seleção direta para produção.

SM&M - seleção com base no índice de Mulamba e Mock, com peso 3 para CE e 1 para PG.

4.5. Ganhos genéticos realizados

Os ganhos genéticos realizados devem confirmar se realmente a seleção promoveu ganhos em CE e produção. Caso estes ganhos não sejam confirmados, pode-se concluir que a variabilidade genética existente não foi devida a genes de efeito aditivo e, portanto, a seleção não foi eficiente em elevar a média das famílias S₅ para estas características.

Analisando as médias das famílias S₅ (Quadro 19), observa-se que as descendentes de 35 famílias S₄ selecionadas com base CE apresentaram média superior em produção, em relação à média das famílias S₅ descendentes de 70 famílias S₄ selecionadas em CE. Este resultado já era esperado, pois com seleção de 35 famílias a intensidade de seleção é maior. No entanto, para CE as médias das descendentes de 35 e 70 famílias S₄ selecionadas com base em CE foram equivalentes, 30,3 mL/g e 30,4 mL/g, respectivamente.

Quando analisada a descendência de famílias e plantas S₄ selecionadas, observa-se que a seleção dentro de 35 famílias com uso do índice não

contribuiu para a alteração na média de produção, obtida apenas com seleção entre. Porém, com seleção dentro em CE ocorreu diminuição desta média (Quadro 19).

A seleção dentro de 70 famílias com uso do índice também não contribuiu para aumentar a média de produção com seleção entre, proporcionando diminuição desta média. Com seleção dentro em CE, ocorreu uma maior diminuição desta média (Quadro 19).

A seleção dentro de 35 famílias não contribuiu para provocar alteração na média de CE obtida com seleção entre famílias, com uso do índice ou com seleção direta em CE. Porém, com seleção dentro de 70 famílias, tanto com o uso do índice ou com seleção em CE, observa-se que ocorreu contribuição da seleção dentro para aumentar a média em CE das famílias S₅. A média das famílias S₅ descendentes de plantas selecionadas em CE foi superior à média das descendentes de plantas selecionadas com o uso do índice (Quadro 19).

Comparando as médias de todas as famílias S₅, em relação à média de famílias S₅ descendentes de famílias S₄ selecionadas, pode-se analisar os ganhos realizados (Quadro 20). Pode-se observar que, para CE, os ganhos realizados em todos os casos foram inferiores aos ganhos preditos. Isto é devido ao fato que de às famílias S₅ derivadas de famílias S₄ não selecionadas terem sido obtidas de plantas superiores em CE.

Quadro 19 – Médias de produção (kg/ha) e CE (mL/g) de todas as famílias S₅ e de famílias S₅ derivadas de famílias selecionadas entre e dentro de famílias S₄, utilizando vários critérios de seleção^{1/}

Crítérios de seleção	Produção	CE
SECE ^{1/} (seleção de 35 Famílias)	1977,8	30,3
SDCE	1953,8	30,3

SDM&M	1977,8	30,3
SECE (seleção de 70 Famílias)	1894,3	30,4
SDCE	1678,6	31,6
SDM&M	1767,8	31,5
sel. de espigas com CE elevada	1744,5	30,3

^{1/} **SECE** = Seleção entre famílias com base em CE.

SDCE = Seleção dentro de famílias com base em CE.

SDM&M = Seleção dentro de famílias com base no índice de Mulamba e Mock.

A estratégia de seleção de 35 famílias com base em CE não promoveu ganhos em CE (Quadro 20). Com seleção dentro destas famílias o ganho genético realizado é insignificante, 0,01 mL/g, com o uso do índice ou com base em CE. A seleção de 70 famílias com base em CE promoveu ganho de 0,14 mL/g. A seleção dentro destas famílias com base em CE promoveu um ganho realizado total de 1,34 mL/g, sendo este o ganho máximo em CE. Com o uso do índice o ganho genético realizado foi um pouco inferior, 1,18 mL/g.

Para produção, os ganhos genéticos realizados com seleção de 35 e 70 famílias com base em CE foram superiores aos ganhos preditos (Quadro 20). No entanto, com seleção dentro os ganhos genéticos realizados foram menores que os ganhos preditos e menores que os ganhos realizados com seleção entre famílias. A seleção dentro com o uso do índice promoveu menor diminuição do ganho genético realizado, em comparação com a seleção dentro com base em CE. Pode-se concluir que a seleção dentro de famílias com o uso do índice ou com base em CE não contribuiu para promover ganhos para produção, provavelmente devido a variância genética dentro para produção estar superestimada.

Quadro 20 – Ganhos genéticos preditos e realizados para produção (kg/ha) e CE (mL/g), utilizando vários critérios de seleção^{1/}

Critérios de seleção	Ganho realizado [®]		Ganho predito	
	Produção	CE	Produção	CE

SECE ^{1/} (seleção de 35 Famílias)	233,29	0,00	165,20	4,80
SDCE	209,29	0,01	248,10	7,30
SDM&M	233,29	0,01	271,20	7,20
SECE (seleção de 70 Famílias)	149,77	0,14	68,30	2,60
SDCE	-65,92	1,34	127,70	6,40
SDM&M	23,32	1,18	168,20	6,10

^{1/} **SECE** = Seleção entre famílias com base em CE.

SDCE = Seleção dentro de famílias com base em CE.

SDM&M = Seleção dentro de famílias com base no índice de Mulamba e Mock.

[®] Ganhos calculados com base nas médias de todas as famílias S₅.

A contribuição do ganho dentro é dada pela diferença entre o ganho realizado com seleção entre e o ganho realizado com seleção dentro (Quadro 21). Quanto à produção, pode-se observar (Quadro 21) que a seleção dentro de famílias com base em CE ou com base no índice não contribui na obtenção de ganhos. O critério que promoveu os maiores ganhos em produção foi seleção de 35 famílias em CE, com ganho máximo de 233,29 kg/ha.

A seleção entre e dentro de 35 famílias não promoveu ganhos genéticos realizados em CE. Com seleção de 70 famílias, as contribuições para os ganhos totais em CE foram de 10,4% para a seleção entre e de 89,5% para a seleção dentro com base em CE. As contribuições para os ganhos em CE com seleção entre com base em CE e dentro usando índice foram 11,9% e 88,1%, respectivamente. O critério de seleção que promoveu o maior ganho genético realizado em CE foi seleção de 70 famílias em CE, com seleção de 70 plantas também com base em CE. O ganho realizado total obtido com estes critérios foi de 1,34 mL/g, que na verdade é apenas uma parte do ganho realizado. Portanto, pode-se concluir que a seleção dentro de famílias teve grande importância em promover ganhos em qualidade. Pode-se concluir, também, que com uma maior proporção de famílias selecionadas, os ganhos dentro em CE tem maior importância.

Quadro 21 – Contribuição da seleção entre e dentro para os ganhos genéticos realizados em produção (kg/ha) e CE (mL/g), utilizando vários critérios de seleção^{1/}

Critérios de seleção	Ganho realizado		Contribuição dos ganhos entre e dentro			
	Produção	CE	Produção	%	CE	%
SECE^{1/} (seleção de 35 Famílias)	233,29	0,00	233,29	111,5/100	0,00	0,0
SDCE	209,29	0,01	-24,00	-11,5	0,01	100
SDM&M	233,29	0,01	0,00	0,0	0,01	100
SECE (seleção de 70 Famílias)	149,77	0,14	149,77	327,2/642,2	0,14	10,4/11,9
SDCE	-65,92	1,34	-215,68	-227,2	1,20	89,5
SDM&M	23,32	1,18	-126,45	-542,2	1,04	88,1

^{1/} **SECE** = Seleção entre famílias com base em CE.

SDCE = Seleção dentro de famílias com base em CE.

SDM&M = Seleção dentro de famílias com base no índice de Mulamba e Mock.

As 70 plantas selecionadas com base em CE, dentro de 70 famílias S₄, também selecionadas em CE, estão descritas com sua origem, produção (kg/ha) e CE (mL/g) no Quadro 22.

Quadro 22 - Origem e médias de produção (kg/ha) e CE (mL/g) de 70 plantas S₄ selecionadas com base em CE, dentro de 70 famílias selecionadas em CE

Planta	Produção	CE
02-437-2	3420,00	34,00
02-438-2	3253,33	39,00
02-439-1	1160,00	37,00
02-440-1	3580,00	33,00
02-442-3	2406,67	35,00
02-444-6	726,67	30,00
02-445-2	2900,00	40,00
02-445-3	1720,00	46,00
02-446-1	3573,33	40,00
02-449-1	3246,67	40,00

02-454-1	3600,00	38,00
02-456-1	3833,33	39,00
02-458-1	3020,00	13,00
02-463-1	2666,67	32,00
02-464-1	2713,33	30,00
02-465-1	1960,00	37,00
02-468-1	1946,67	31,00
02-469-1	1753,33	36,00
02-473-2	1586,67	34,00
02-474-3	2153,33	38,00
02-475-2	2160,00	35,00
02-476-1	986,67	31,00
02-477-1	1700,00	33,00
02-480-1	900,00	31,00
02-482-3	3546,67	28,00
02-489-1	1106,67	35,00
02-490-3	1973,33	36,00
02-492-3	2660,00	36,00
02-494-1	773,33	36,00
02-497-1	4120,00	28,00
02-498-1	3080,00	34,00
02-499-1	3793,33	38,00
02-499-3	2373,33	39,00
<hr/>		
02-501-3	2680,00	33,00
02-504-3	2733,33	40,00
02-509-1	2653,33	43,00
02-509-2	2820,00	37,00
02-510-1	1120,00	47,00
02-512-4	2073,33	39,00
02-515-1	1273,33	36,00
02-515-3	1913,33	36,00
02-516-3	960,00	35,00

02-518-3	1933,33	30,00
02-533-1	2000,00	37,00
02-539-1	2793,33	35,00
02-540-1	1920,00	18,00
02-541-1	833,33	29,00
02-542-1	1813,33	38,00
02-549-4	1766,67	39,00
02-552-3	3053,33	38,00
02-554-1	2093,33	37,00
02-561-1	2553,33	28,00
02-563-2	1333,33	40,00
02-564-1	2780,00	34,00
02-565-1	2166,67	37,00
02-569-2	2586,67	30,00
02-571-1	1460,00	36,00
02-572-1	1553,33	40,00
02-572-2	1800,00	37,00
02-573-4	3100,00	49,00
02-574-2	2860,00	40,00
<hr/>		
02-576-3	2760,00	35,00
02-581-2	1666,67	33,00
02-582-3	3626,67	38,00
02-585-2	4006,67	31,00
02-586-3	3480,00	40,00
02-587-1	1826,67	35,00
02-589-2	3853,33	33,00
02-591-2	786,67	33,00
02-592-3	2000,00	33,00
<hr/>		
Média	2163,33	35,30
<hr/>		

5. RESUMO E CONCLUSÕES

Neste trabalho foram avaliadas 106 famílias S_4 da população Beija-Flor, em experimento sem repetição, com duas testemunhas intercaladas a cada dez famílias. Os objetivos foram investigar a eficiência da seleção dentro de famílias, fazer melhoramento intrapopulacional, com seleção de 35 famílias com base em capacidade de expansão e produção, e obter 70 famílias S_5 superiores, com seleção dentro de 70 e 35 famílias, selecionadas para as mesmas características, sendo que a seleção em CE foi priorizada.

Assumindo delineamento inteiramente casualizado, fez-se o ajuste dos modelos de regressão múltipla para correção dos efeitos ambientais. Assumiu-se, também, delineamento em blocos incompletos, que considera controle local. A magnitude da variação ambiental foi baixa, pois a correção por regressão, considerando modelo completo, não apresentou determinação satisfatória, ficando abaixo de 52% para a maioria das características, incluindo produção e CE. Portanto, optou-se por não corrigir as médias para análise em delineamento inteiramente casualizado. As altas correlações entre as médias ajustadas das famílias, obtidas assumindo delineamento em blocos incompletos, e os valores fenotípicos originais, 0,84 e 0,92, respectivamente para produção e CE, também são indicativos de reduzida variação ambiental, na área experimental.

Encontrou-se variabilidade genética entre as famílias para produção e CE, quando assumidos delineamentos inteiramente casualizado e em blocos incompletos. As correlações genotípicas entre produção e CE, em ambos os casos, também foram satisfatórias 0,36 e 0,42, respectivamente. As herdabilidades em sentido amplo em nível de famílias foram mais elevadas em relação às encontradas dentro das famílias, para produção e CE. Os valores podem ser considerados médios para produção e altos para CE. A correlação

genotípica encontrada dentro das famílias para CE e produção foi de 0,33. A variância genotípica entre famílias foi inferior à obtida dentro de famílias.

Para o cálculo dos ganhos entre foram utilizadas as médias e parâmetros genéticos obtidos quando assumido delineamento em blocos incompletos, pois este delineamento considera controle local e, portanto, é mais confiável. Foram utilizadas três estratégias de seleção: seleção direta em CE, seleção direta em produção e uso do índice de Mulamba e Mock, com pesos 3 para CE e 1 para produção. Os maiores ganhos genéticos preditos foram obtidos com seleção direta de 35 famílias em CE.

Para análise dos ganhos dentro, utilizou-se as três estratégias de seleção utilizadas para seleção entre. Como esperado, os ganhos genéticos preditos com seleção dentro de 70 famílias foram, em geral, superiores aos obtidos com seleção dentro de 35 famílias. Na seleção dentro, o uso do índice mostrou eficiência em promover ganhos em CE, superiores a 90% do ganho máximo. Porém, o ganho predito em produtividade com uso do índice foi pouco superior ao ganho indireto predito em produtividade com seleção direta em CE, o que torna as duas estratégias de seleção dentro praticamente equivalentes.

A estratégia que proporcionou maiores ganhos preditos totais foi seleção direta de 35 famílias em CE, com seleção de 70 plantas dentro com base no índice. Obteve-se, com esta estratégia, ganhos preditos totais de 271,2 kg/ha para produção e 7,2 mL/g para CE. Com estes ganhos, espera-se uma elevação em produção de 2474,4 kg/ha para 2745,6 kg/ha. Grandes perdas no vigor ocorrem devido ao processo de endogamia e, portanto, não é o momento de julgar as famílias em relação à produtividade. Em capacidade de expansão, deve ocorrer uma elevação da média das famílias S_5 de 28,6 mL/g para 35,8 mL/g, ou seja, qualidade de milho-pipoca muito superior à encontrada nas testemunhas, que são híbridos comerciais.

Quando avaliada a eficiência da seleção dentro, verifica-se que para a melhor estratégia em promover os ganhos desejáveis, citadas anteriormente, a contribuição dos ganhos dentro foi de 39,1% para produção e 33,3% para CE, demonstrando a importância da seleção dentro. Quando analisada as demais

estratégias de seleção, também se verificou uma elevada importância dos ganhos dentro, com percentuais superiores a 30% do ganho total. No caso de seleção de 70 famílias, os ganhos dentro foram responsáveis por mais de 50% dos ganhos totais para CE e produção. A elevada contribuição dos ganhos dentro pode ser atribuída à elevada variação genética encontrada dentro das famílias. Portanto, para uma maior eficiência seletiva em famílias S₄, deve-se praticar seleção dentro, sendo que a importância destas é maior quando se diminui a intensidade de seleção entre.

Por fim, analisando os ganhos realizados, comprovou-se a obtenção de ganhos em CE, embora aquém dos ganhos genéticos preditos. Ganhos realizados em CE menores que os preditos são devido às famílias S₄ não selecionadas terem sido avançadas a partir de plantas de CE elevada. Para produção, os ganhos realizados com seleção entre foram maiores que os preditos, sendo que a seleção dentro não contribuiu para aumentar estes ganhos. A seleção entre e dentro de 35 famílias não promoveu ganhos genéticos realizados em CE. No entanto, a seleção entre e dentro de 70 famílias promoveu ganhos. As contribuições das seleções entre e dentro para os ganhos totais em CE, com seleção de 70 famílias com base em CE foram de 10,4% e da seleção dentro com base em CE de 89,5%. Com seleção entre em CE e dentro com o emprego do índice, as contribuições foram, respectivamente, 11,9% e 88,1%. O critério de seleção que promoveu o maior ganho genético realizado em CE foi seleção de 70 famílias em CE, com seleção de 70 plantas também com base em CE. O ganho realizado total obtido com estes critérios foi de 1,34 mL/g. Portanto, pode-se concluir que a seleção dentro de famílias teve grande importância em promover ganhos em qualidade. Pode-se concluir, também, que com uma maior proporção de famílias selecionadas, os ganhos dentro em CE têm maior importância. O critério que promoveu os maiores ganhos realizados em produção foi seleção de 35 famílias em CE, com ganho máximo de 233,29 kg/ha.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALEXANDER, D. E.; CREECH, R. G. Popcorn. In: SPRAGUE, F. G. (Ed.). **Corn and corn improvement**. New York: Academic, p.385-386, 1977.
- ARNHOLD, E. **Seleção para resistência a doenças em programas de melhoramento intrapopulacional e de produção linhagens com milho-pipoca (*Zea mays L.*)**. Viçosa, MG: UFV, 2001. 46 p. Dissertação (Iniciação Científica) - Universidade Federal de Viçosa 2001.
- BACKES, R. L. **Estimativas de parâmetros genéticos, correção do efeito ambiental e predição de ganhos por seleção em populações F₅ e F₆ de soja (*Glycine max (L) Merrill*)**. Viçosa, MG: UFV, 2000. 77 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 2000.

- BAUMAN, L. F. Review of methods used by breeders to develop superior corn inbreds, p. 199-208. In: LODEN, H. D. and WILKINSON, D. (Eds.) Proc. Corn and Sorghum Ind. Res. Conf. Chicago. IL. 9-11. Dec. 1981. **Am. Seed Trade Assoc.**, Washington, D. C.
- BLEICHER, J, **Níveis de resistência a *Helminthosporium turcicum* Pass. Em três ciclos de seleção de milho (*Zea mays* L.)** Piracicaba, SP: ESALQ, 1988, 130p. Dissertação (Doutorado) – Escola Superior de Agronomia Luis de Queiroz, 1988.
- BLEICHER, J.; BALMER, E. e ZINSLY, J. R. Resistência Horizontal a *Exserohilum turcicum* em milho, cultivar “Pirapoca Amarela”. **Fitopatol. Bras.** 18: p. 187-193. 1993.
- BRUNSON, A. M. Popcorn selection for added popping expansion would pay large growers. **Yearbook of Agriculture**, Washington, v. 16, p. 441-443. 1931.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas** Viçosa. Editora UFV. 453p, 1998
- CÂMARA, T. M. M. **Importâncias relativas do desempenho individual e em ‘topcross’ na seleção de famílias S₃ de milho-pipoca.** Viçosa, MG: UFV, 2002. 96 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 2002.
- CHENOLU, V. V.; HORA, T. S. Studies of losses to *Helminthosporium turcicum* Blight of mayze, **Indian Phytopathology**, New Delhi, 15: p. 235-237, 1962.
- CRUZ, C. D. **Programa genes: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística.** Viçosa, MG: UFV, 648 p: Universidade Federal de Viçosa, 2001..
- DALBELLO, O.; PREVIERO, C. A.; ALVES, D. G. ET AL. **Capacidade de expansão do milho-pipoca (*Zea mays* L.) em função de parâmetros de secagem, umidade e armazenamento do produto.** In CONGRESSO BRASILEIRO DE ENGENHARIA AGRÍCOLA, 24, 1995, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa.

- DAROS, M. **Melhoramento de milho pipoca: seleção recorrente em famílias de irmãos completos e famílias S₁**. Campos dos Goytacazes, RJ: UENF, 2003. 91 p. Dissertação (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense 2003.
- DJORDJEVIC J. S.; IVANOVIC M. R. Genetic analysis for estlk lodging resistance in narrow-base maize synthetic population ZPS14. **CROP SCIENCE** 36 : (4) p. 909-913 julho-agosto 1996.
- DOFING, S. M.; D'CROZ-MASON, N.; THOMAS-COMPTON, M. A. Inheritance of expansion volume and yield in two popcorn x dent corn crosses. **Crop Science**, v. 31, n. 3, p. 715-718, 1991.
- FARIA, H. H. R. **Seleção visando resistência ao acamamento e quebramento em populações de milho-pipoca (*Zea mays* L.)**. Viçosa, MG: UFV, 2001. 33 p. Dissertação (Iniciação Científica) - Universidade Federal de Viçosa 2001.
- FEDERER, W. T. **Experimental design – Theory and application**. New York: [s.n.], 544 p, 1955.
- GAMA, E.G.; HALLAUER, A. R. Relation between inbred and hybrid traits in maize. **Crop Science**, v.17, p. 703-706, 1977.
- GAMA, E. G.; MAGNAVACA, R.; SILVA, J. B.; SANS, L. M. A.; VIANA, P. A.; PANRENTONI, S. N.; PACHECO, C. A. P.; CORREA, L. A.; FERNANDES, F. T. Milho-pipoca. **Inf. Agropec.**, v. 14, n.165, p. 339-348,1990.
- GALVÃO, J. C. C.; SAWAZAKI, E.; MIRANDA, G. V. Comportamento de híbridos de milho-pipoca em Coimbra, Minas Gerais. **Revista Ceres**, 47(270): p. 201-218, 2000.
- GENTER, C. F.; ALEXANDER, M. W. Development and selection of productive S₁ inbred lines of corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v. 6, p. 429-431,1966.
- GUINGO, E.; HÉBERT, Y.; CHARCOSSET, A. Genetic analysis of root traits in maize. **Agronomie**, 18(3): p. 225-235, 1998.
- GUINGO, E.; HÉBERT, Y. Relationships between mechanical resistance of the maize root system and root morphology, and their genotypic and environmental variation. **Maydica**, 42(3): p. 265-274, 1997.

- HALLAUER, A. R. Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. **Revista Brasileira de Genética**, v.3, n. 3, p. 207-233, 1980.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2.ed. Ames: Iowa State Univ. Press, 1988.
- HALLAUER, A. R.; RUSSELL, W. A.; LAMKEY, K. R. Corn Breeding. In: SPRAGUE, G. F.; DUDLEY, J. W. (Ed.) **Corn and corn improvement**. Madison: A.S.A., 1988. p. 463-565.
- HAYES, H. K.; JOHNSON, I. J. The breeding of improved selfed lines of corn. **Jour. Am. Soc. Agron.**, v. 31, p. 710-724, 1939.
- HÉBERT, Y.; BARRIÈRE, Y.; BERTHOLEAU, J. C. Root lodging resistance in forage maize: genetic variability of root system and aerial part. **Maydica**, 37(2): p. 173-183, 1992.
- HOSENEY, R. C.; ZELEZNAK, K.; ABDELRAHMAN, A. Mechanism of popcorn popping. **Journal of Cereal Science**, v. 1, p. 43-52, 1983.
- HONDROYANNI E., PAPAKOSTA D. K., GAGIANAS A. A., TSATSARELIS K.A. Corn stalk traits related to lodging resistance in two soils of differing salinity. **Maydica** 45 : (2) p. 125-133, 2000.
- HUGHES, G. R. e HOOKER, A. L. Gene action conditioning resistance to Northern leaf blight in maize. **Crop Science** 11: p. 180-184, 1971.
- JENKINS, M. T. Correlation studies with inbred and crossbred strains of maize. **Jour. Agr. Res.**, v. 39, p. 677-721, 1929.
- JENKINS. M. T. The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of maize upon the hybrids made after successive generations of selfing. **Iowa State Col. Journ. Sci.**, v.6, p.429-450, 1935.
- KANG, M. S.; DIN, A. K.; ZHANG, Y.; MAGARI, R. Combining ability for rind puncture resistance in maize. **Crop Science**, 39(2): p. 368-371, 1999.
- KATTA, S. K.; BULLERMAN, L. B. Effects of high temperature and relative humidity on mold content and quality of stored popcorn. **Journal of Food Protection**, 58(9): p. 1018-1022, 1995.
- LIEN, R. M.; HAUGH, C. G. The effect of field shelling on popcorn quality. **Transactions of the ASAE**, p. 855-858, 1975.

- LIEN, R. M.; HAUGH, C. G.; SILVER, M. J.; ASHMAN, R. B. Machine losses in field harvesting popcorn. **Transactions of the ASAE**, p. 827-829, 1976.
- LIMA, M.; ZINSLY, J. R.; MÔRO, J. R. Seleção massal estratificada no milho-pipoca (*Zea mays L.*) visando o aumento da produtividade, caracteres agronômicos e capacidade de expansão. **Relatório Científico da ESAL**, Piracicaba, v.7, p.83-88, 1973.
- LIMA, M.; ZINSLY, J. R.; VENCOVSKY, R., CAMPOS MELLO, M. R. Resultados parciais de um programa de melhoramento do milho-pipoca (*Zea mays L.*) visando o aumento da produção, caracteres agronômicos e capacidade de expansão. **Relatório Científico da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz**. Instituto de Genética, Piracicaba – SP, n. 5, p. 84 – 93. 1971.
- LINARES, E. **Seleção recorrente recíproca em famílias de meios-irmãos em milho pipoca (*Zea mays L.*)** Piracicaba, SP: ESALQ, 1987, 78p. Dissertação (Doutorado) – Escola Superior de Agronomia Luis de Queiroz, 1987.
- LIRA, M. A. **Seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos para produção e capacidade de expansão e correlações entre alguns caracteres em milho-pipoca (*Zea mays L.*)** Lavras, MG: ESAL, 1983. 63p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agronomia de Lavras, 1983.
- LYERLY, P. J. Some genetic and morphological characters affecting the popping expansion of popcorn. **Journal of the American Society of Agronomy**. p. 986-999, 1942.
- LOPES, M. T. G. **Melhoramento de milho pipoca (*Zea mays L.*) visando resistência a doenças**. Viçosa, MG: UFV, 1999, 42p. Monografia - Universidade Federal de Viçosa, 1999.
- MATTA, F. P. **Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos**. Viçosa, MG: UFV, DGU, 83p, 2000. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2000.
- MATTA, F. P.; VIANA, J. M. S. Testes de capacidade de expansão em programas de melhoramento de milho pipoca. **Scientia Agrícola**, v.58, n.4, p.845-851, out./dez. 2001.

- MILLES, J. W., DUDLEY, J. W., DUDLEY, D. G. & LAMBERT, R. J. Response to selection for resistance to four disease in two corn populations. **Crop Science** v.21: p. 980-983, 1980.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potencial of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt J. Gen. Cytol.**, v.7, p. 40-51, 1978.
- NASCIMENTO, W. M.; BOITEUX, L.S. Influência do grau de umidade do grão na capacidade de expansão de milho-pipoca. **Horticultura Brasileira**, v.12, n. 2, p. 179-180, 1994.
- OSLER, R. D.; WELLHAUSEN, E. J.; PALACIOS, G. Effect of visual selection during inbreeding upon combining ability in corn. **Agron. Jour.**, v. 50, p. 45-48, 1958.
- PACHECO, C. A. P.; VIANA, J. M. S.; SAWAZAKI, E. Avaliação de equipamentos utilizados na determinação do índice de capacidade de expansão em programas públicos de melhoramento de milho pipoca. 1o. **Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas. Anais.** Goiânia. Embrapa Arroz e Feijão, 2001.
- PACHECO, C. A. P.; GAMA, E. E. G. E.; GUIMARÃES, P. E. D.; SANTOS, M. X.; FERREIRA, A. D. Genetic parameters estimatives in CMS-42 and CMS-43 popcorn populations. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, n. 12, p. 45, 1998.
- PACHECO, C. A. P.; CASTOLDI, F. L.; ALVARENGA, E. M. Efeito do dano mecânico na qualidade fisiológica e na capacidade de expansão de sementes de milho pipoca. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 18 n.2, p. 267-270. 1996.
- PACHECO, C. A. P. **Avaliação de famílias de meios irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente – 2º ciclo de seleção.** Lavras, MG: ESAL, 1987. 109p. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Escola Superior de Agricultura de Lavras, 1987.
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v.7, p. 212-216, 1967.

- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. **Melhoramento do Milho**. In: Borém, A. (Ed.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, p.429-485. 1999.
- PINHEIRO, M. H. **Eficiência de seleção para resistência à doenças em programas de obtenção de linhagens de milho-pipoca (*Zea mays* L.)**. Viçosa, MG: UFV, 26p, 2002, Dissertação (Iniciação Científica) – Universidade Federal de Viçosa, 2002.
- RADEMACHER, M. A. M.; HALLAUER, A. R.; RUSSELL, W. A. Comparative response of two reciprocal recurrent selection methods in BS21 and BS22 maize populations. **Crop Science**, v. 39, p. 89-97, 1999
- RICHEY, F. D. Convergent improvement in selfed alfafa. **Am. Nat.**, v. 61, p.430-449, 1927.
- ROBINSON, R. A. & CHIARAPA, L. Programa Internacional de la FAO que se propone sobre la resistencia horizontal de las enfermedades y plagas de las plantas. **Boletim fitossanitario de la FAO**, Roma, p. 125-129. (s.d.), 1975
- RUSSELL, W. C. **Obtenção e avaliação de linhagens de milho**. São Paulo: Fundação Cargil, 53 p., 1976.
- RUSSELL, W. A.; TEICH, A. H. Selection in *Zea mays* L. by inbred line appearance and testcross performance in low and high plant densities. **Iowa Agr. Exp. Sta. Res. Bull.** p.552, 1967.
- SANTIAGO, A. D. & BÜLOW, J. F. W. Competição de variedades de milho-pipoca no Distrito Federal. In: **Reunião Brasileira de milho e sorgo**, 12, Goiânia, 1978. Anais. Brasília, EMBRAPA, p. 36. 1979.
- SANTOS, J. F. **Eficiências de estratégias de seleção de famílias S2 de milho-pipoca (*Zea mays* L.)**. Viçosa, MG: UFV, DGU, 86p., 2002. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2002.
- SAWAZAKI, E. **Parâmetros genéticos em milho-pipoca (*Zea mays* L.)**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1996. 157 p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 1996.

- SAWAZAKI, E.; MORAIS, J. F., LAGO, A. A. Influência do tamanho e umidade do grão na expansão da pipoca South American Mushroom. **Bragantia**, v.45, n.2, p.363-370, 1986.
- SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; CASTRO, J. L.; GALLO, P. B.; GALVÃO, J. C. C.; SAES, L. A. Potencial de linhagens de populações locais de milho pipoca para síntese de híbridos. **Bragantia**, v. 59, n.12, p. 143-151, 2000.
- SHI, Z. S. Selection of a set of new popcorn varieties in the Shenyang area of northeast China. **Journal of Shenyang Agricultural University**, v.23, n.3, p. 209-214, 1992.
- SHULL, G. H. A pure line method of corn breeding. **Amer. Breed. Assoc. Rep.**, v. 5, p. 51-59, 1909.
- SPRAGUE, G. F.; MILLER, P. A. The influence of visual selection inbreeding on combining ability in corn. **Agron. Jour.**, v. 44, p. 258-262, 1952.
- VAN DER PLANK, J. E. **Plant disease: Epidemic and control**. New York, Academic Press, 348p., 1963.
- VASAL, S. K.; DHILLON, B. S.; SRINIVASAN, G; McLEAN, S. D.; CROSSA, J.; ZHANG, S. H. Effect of S₃ recurrent selection in four tropical maize populations on their selfed and randomly mated generations. **Crop Science**, v. 35, p. 697-702, 1995.
- VILARINHO, A. A. **Seleção de famílias endogâmicas S₁ e S₂ em programas de melhoramento intrapopulacional e de produção de híbridos de milho-pipoca (*Zea mays L.*)**. Viçosa, MG: UFV, DGU, 2001. 79p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- WANG, Y. L.; QIAO, C. G.; WANG, Q. Y.; ZHAO, R. G. Relation between genetic divergence and heterosis in popcorn. **Acta Agronomica Sinica**, v.20, n.2, p. 223-228, 1994.
- WEATHERWAX, P. The popping of corn. **Proceedings of Indiana Academy of Science**, p. 149-153, 1922.
- WELLHAUSEN, E. J.; WORTMAN, S. Combining ability in S₁ and derived S₃ lines of corn. **Agron. Jour.**, v. 46, p. 86-89, 1954.

- WRIGHT, A. J. The expected efficiencies of half-sib, testcross and S₁ progeny testing methods in single population improvement. **Heredity**, v. 45, n. 3, p. 361-376, 1980.
- ZIEGLER, K. E.; ASHMAN, B. Popcorn. In: HALLAUER, A. R. (Ed.). Specialty corns. Iowa: **CRC Press**. cap.7, p. 189-223, 1994.
- ZINSLY, J. R.; MACHADO, J. A. **Origem e evolução do milho-pipoca**. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Eds.). **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, p. 413-414, 1987.